

# **Berichte**

des

## **Ōhara Instituts**

### **für landwirtschaftliche Forschungen**

1931

---

**Kreuzungsuntersuchungen an Reispflanzen.**

**III. Genetik der Farbeigenschaften verschiedener  
Pflanzenteile, des Wuchshabitus und  
der Ausschusszeiten.**

**(Zugleich ein Beitrag zur Kenntnis  
der Koppelungsgruppe beim Reis).<sup>1)</sup>**

**Von**

**Yasuke Yamaguti.**

**(Mit zwei Tafeln.)**

**[Eingegangen am 5. Juni 1931.]**

---

#### **I. Die Versuchspflanzen.**

Um eine weitere Einsicht in die Koppelungsgruppen beim Reis zu gewinnen, wurden Versuchs-Pflanzen aus zwei Sorten: „Murasaki-Waitô“ und „Omatsi“ gewählt. Die erste gehört zu einer Zwergreissorte (vergl. Tafel I, 2) und ist mit dunkelpurpurn gefärbter Blattspreite, -scheide, Pulvina, Auricula und Ligula

---

1) Der Inhalt dieses Aufsatzes ist bei der Generalversammlung der „Tōkyō Botanical Society“ für 1930 veröffentlicht worden; am 1. Nov. 1930.

versehen, sodass die Pflanze in allen ihren Teilen gefärbt ist. Die einzige äusserliche Ausnahme ist, dass die jungen Teile trotz der schliesslich in Tage tretenden Farbstoffbildung anfangs noch für einige Tage grün bleiben. Übrigens sind die Spelze nicht gänzlich gefärbt; die dunkelpurpurne Färbung beschränkt sich dort auf die Spitzen der Spelzen und die ganzen Hüllspelzen. Die Narben sind auch purpurn gefärbt. In dieser Hinsicht ähnelt sie dem Phänotypus II in den Nachkommen der Bastarde zwischen „Karasumoti“ und „Sinriki“ (s. YAMAGUTI, 1926, Tafel I, Fig. 4). Die Blätter, Rispen, Rispenzweige, Spelze bzw. Körner sind dem Zwerghabitus der ganzen Pflanze entsprechend alle kürzer als die der gewöhnlichen (Tafel II, 1 u. 5). Sie ist äusserlich fast grannenlos. Die Ausschusszeit schwankt vom 20.—29. Aug. in Kurashiki und ist im Mittel am 24.—25. Aug.

Dementgegen wird die andere Sorte „Omati“ grösser als „Sinriki“, „Karasumoti“ und andere gewöhnliche Sorten, wie man aus der ersten Mitteilung (1926) leicht entnehmen kann. Dort sind übrigens auch ihre anderen Eigenschaften mitgeteilt, u. a. ist die ganze Pflanze nicht besonders gefärbt (grün); sie ist mit langen Grannen versehen (Tafel II, 3 u. 4). Die Rispen schiessen bei ihr etwas später aus als bei der erst genannten Sorte. Die Ausschusszeiten haben einen Spielraum, der in Kurashiki sich vom 2.—10. September erstreckt; das Mittel liegt am 5.—6. Sept.

Im Jahre 1926 wurde eine Anzahl von Kreuzungen zwischen den oben erwähnten zwei Sorten in den möglichen Kombinationen in Kurashiki ausgeführt. Davon sind jedoch nur zwei Kreuzungen von „Murasaki-Waitô“  $\times$  „Omati“ gelungen. Im nächsten Jahre wuchsen die  $F_1$ -Pflanzen aus zwei Körnern bis zur Kornerte fort in Sendai.  $F_2$ -Körner wurden 1928 wieder nach Kurashiki geschickt, dort gekeimt und auf dem Felde des Ôhara Instituts weiter kultiviert. Die Beobachtung wurde dort von mir selbst ausgeführt.

Was die  $F_3$ -Pflanzen anbetrifft, so wurden diese wegen der viel grösseren Anzahl Individuen als die der  $F_2$  diesmal in Kogota bei Sendai gezüchtet. Kogota ist von Sendai etwa eine Stunde entfernt, sodass es mir so oft ich wollte möglich war, eingehende Beobachtungen anzustellen.

Es ist mir eine angenehme Pflicht, auch hier den Herren Dr. M. KONDÔ, dem Direktor des Ôhara Instituts und Dr. E. SATÔ, dem Direktor der Land- und Forstwirtschaftlichen Schule in Kogota für ihre Freundlichkeit, mit der sie mir das Versuchsfeld bereitwilligst zur Verfügung gestellt hatten, herzlichen Dank auszusprechen. Auch Herrn T. OKAMURA im Ôhara Institut möchte ich für seine stetige Obsorge für die Versuchspflanzen bestens danken. Nur durch die wertvolle Hülfe meines Assist. Dr. H. TAKEDA's und des Laboranten M. OYAMADA's konnte diese Untersuchung zur Genüge durchgeführt werden, wofür auch ihnen hiermit besonders gedankt sei.

## II. Genetische Analyse der Farbeigenschaften der verschiedenen Pflanzenteile.

### 1. Die Blattfarbe.

In bezug auf die Blattfarbe waren die beiden  $F_1$ -Pflanzen ganz ähnlich gefärbt, und zwar sowohl an ihrer Blattspreite, -scheide, Pulvina, Auricula und Ligula als auch an der Narbe, sodass sich die Farbstoffbildung auf die Farblosigkeit (Grün) dominant verhält; die Intensität der Färbung ist aber viel schwächer als die eines der Eltern: „Murasaki-Waitô.“

In  $F_2$ -Generation zeigte es sich, dass die Pflanzen mit purpurn gefärbter Blattspreite auch immer in ihrer Blattscheide, Pulvina, Auricula und Ligula ähnlich gefärbt sind, sodass die Färbung an diesen Teilen als ein Ganzes erblich sein muss. Ohne aber auf diese Einzelheiten einzugehen ist hier hauptsächlich die Farbe der Blattspreite ins Auge gefasst worden. In  $F_2$ -Generation wurde folgende Spaltung in bezug auf die Blattfarbe festgestellt.

Tabelle 1.

Nr. der Linie	Dunkelpurpurn	Grün	Summe
V	74	128	202
VI	73	127	200
gefunden	147	255	402
erwartet (27 : 37)	169.59	232.41	
$D/m$	— 2.28	+ 2.28	

Nach diesem Ergebnis liegt die Annahme nahe, dass man es hier mit einer trihybriden Spaltung zu tun hat. Die etwas grosse Abweichung der gefundenen Spaltungsreihe von der theoretischen beruht, grosser Wahrscheinlichkeit nach, darauf, dass die Farbstoffe an den heterozygotischen Pflanzen sich nur recht langsam bilden und die Farbe so noch beim Abschluss der Beobachtungen sehr schwach geblieben war, sodass sie wegen unseres nur kurzen Aufenthaltes in Kurashiki leicht übergesehen werden konnte. Um darüber noch eine sichere Grundlage zu gewinnen wurden im Jahre 1929 eine recht grosse Anzahl  $F_3$ -Pflanzen aus der Linie V gezüchtet. Dazu wurden insgesamt 90 Individuen aus  $F_2$ -Generation genommen, deren Nachkommen über achttausend betrug.

Wie erwartet wurde darunter bei 15 Linien die trihybride Spaltung der Blattfarbe wieder gefunden. Überdies stellte sich heraus, dass bei anderen 24 Linien di- und bei 10 Linien monohybride Spaltungen in bezug auf die Blattfarbe vorkommen, wie man aus der folgenden Tabelle entnehmen kann.

Tabelle 2.

	Dunkelpurpurn	Grün	Summe
gefunden	546	806	1352
erwartet (27 : 37)	570.38	781.52	
$D/m$	— 1.37	+ 1.37	
gefunden	1170	950	2120
erwartet (9 : 7)	1192.50	927.50	
$D/m$	— 0.98	+ 0.98	
gefunden	680	224	904
erwartet (3 : 1)	678.00	226.00	
$D/m$	+ 0.15	— 0.15	

Somit ist sichergestellt, dass durch die Kreuzung von „Murasaki-Waitô“ mit „Omati“ ein Trihybrid in bezug auf die Blattfarbe entstand, wie es auch bei TAKEZAKI (1921, 1923) der Fall war. Die gesamte Spaltungsweise kann man leicht, wie auch TAKEZAKI annahm, durch drei Genen-Kombination erklären, indem man annimmt, dass für die Entstehung der Farbe in Blättern das gleichzeitige Vorhandensein von wenigstens je einen der drei Sorten Genen notwendig ist. So muss also im anderen Falle das Blatt grün bleiben. Die Folge davon ist die, dass in  $F_2$ -Generation die Spaltung der Blattfarbe ins Verhältnis von 27 dunkelpurpurn : 37 grün erwartet werden muss. In  $F_3$ -Generation müssen sich dann weiter unter den Nachkommen der gefärbten  $F_2$ -Individuen drei verschiedene Spaltungen zeigen, und zwar 27 dunkelpurpurn : 37 grün, 9 dunkelpurpurn : 7 grün und 3 dunkelpurpurn : 1 grün. Überdies müssen, wenn diese Hypothese zutrifft, unter den gefärbten  $F_2$ -Individuen die eben genannten Tri-, Di- und Monohybriden nebst den Homozygoten im Verhältnis von 8:12:6:1 vorhanden. In Wirklichkeit wurde das Verhältnis von 15:24:10:0 gefunden, was so gut mit der Theorie übereinstimmt, wie man es in Anbetracht der kleinen Anzahl der aufgezogenen Linien nicht besser erwarten kann.

Somit bleibt kein Zweifel mehr übrig, dass für das Entstehen der dunkelpurpurnen Blattfarbe auch in unserem Falle drei Genen zusammenwirken. Nur ist die Frage noch offen, ob man es dabei mit den drei besonderen Genen für die Blattfarbe selbst zu tun hat, oder ob nicht doch irgend ein Gen derselben auch an der Farbstoffbildung in den anderen Pflanzenteilen beteiligt ist. Zuerst kommen da solche Genen in Frage, die in meiner früheren Abhandlung als für die Spelzenfarbe verantwortlich festgestellt wurden, und zwar die Genen *S*, *R* und *B*. Es ist aber klar, dass das Gen *R* wenigstens in diesem Falle keine Beziehung zur Blattfarbe hat, weil in der Spelzenfarbe das Fehlen des Gens *R* sicher war; die Spelzenfarbe gehört nämlich nicht dem Phänotypus I an, sondern dem Phäno-



typus II (vergl. YAMAGUTI, 1926). Dagegen kann sicher aus der Tatsache, dass in allen diesen Individuen die Spelzenspitzen und Hüllspelzen immer dunkelviolet oder -purpurn gefärbt sind, auf die Beteiligung der Gene  $S$  und  $B$  bei den Individuen mit dunkelpurpurnen Blättern geschlossen werden. Also müsste die Farbstoffbildung in den Blättern durch das Zusammenwirken des eigenen Gens  $P_1$  für die Blattfarbe mit den  $S$  und  $B$  bedingt werden. Ob es in Wirklichkeit der Fall ist hängt von einer weiteren Prüfung ab (Siehe unten). Meine Annahme ging dahin, dass das Gen  $S$  für die Entstehung der durch das Anthocyanin bedingten rötlichen Farbe notwendig sei, also beim Fehlen von  $S$  die Farbstoffbildung jeweils ausbleibe, da das Gen  $B$  sich nur zur Modifikation der rötlichen Farbe in schwarzviolet oder dunkelpurpurn beteilige. Diese Annahme bleibt auch hier in ihrer ursprünglichen Gestalt unangetastet, nur die Wirkung von  $S$  und  $B$  muss so erweitert werden, dass sie nicht nur auf die Farbstoffbildung in den Spelzen, sondern auf dieselben in den Blättern als ausschlaggebend zu betrachten ist. Also beim Fehlen des Gens  $S$  kann das Gen für die Blattfarbe ( $P_1$ ) jedenfalls nicht wirkungsfähig sein. Und noch weiter beim Fehlen des Modifikationsgens  $B$  kann, trotz des Vorhandenseins der beiden Gene  $S$  und  $P_1$  gar keine dunkelpurpurne Farbe in den Blättern zustande kommen.

Bald wurde aber auch die Tatsache klar, dass die Farbe der Spelzenspitzen bei der Zygote  $p_1 p_1 bbSS$  nicht rötlich, wie erwartet war, sondern orangerot war. Überdies war die Farbstoffbildung bei diesem manchmal so stark verzögert, dass sie beim Abschluss der Feldarbeit Ende September nur schwer festzustellen war. Es scheint, dass wir bei diesen Versuchspflanzen die Beteiligung eines anderen Gens ( $S_o$ ) für die Spelzenfarbe in Rechnung ziehen müssen. Grosser Wahrscheinlichkeit nach es handelt sich um ein Modifikationsgen zur Wirkung von  $S$ , wodurch die durch  $S$  zur rötlichen Farbe bestimmte Reaktion durch die Gegenwart von  $S_o$  in Orangerot umschlägt. Die Tatsache, dass die Wirkung von  $S_o$  auf  $S$  bei gleichzeitigem Vorhandensein von  $B$  gar nicht oder wenigstens nicht stark auftritt, spricht aber dafür, dass entweder eine physiologische oder eine genetische innige Beziehung zwischen den Wirkungsweisen der Gene  $B$  und  $S_o$  auf  $S$  vorhanden sein kann. Wenn das letztere der Fall wäre, so hätten wir Grund anzunehmen, dass wir es mit einer sehr starken Koppelung zu tun haben. Die endgültige Erklärung muss der weiteren Forschung überlassen bleiben.

Man wird so zur Ansicht geführt, dass der Sorte „Murasaki-Waitô“ die genotypische Konstitution  $P_1 P_1 BBSSs_o s_o$  und der Sorte „Omatsi“  $p_1 p_1 bbssS_o S_o$  zuzuschreiben ist. Dass hier die letztere Sorte in bezug auf die Spelzenfarbe nicht der genotypischen Konstitution  $BBss s_o s_o$ , sondern der  $bbssS_o S_o$  entspricht, wurde durch die Kreuzung derselben mit der Sorte „Karasumoti“ festgestellt, worüber unter anderem in einem folgenden Aufsatz dieser Serie Mitteilungen gemacht werden. Weiterhin darf für die Bastarde zwischen den beiden die genotypische Konstitution  $P_1 p_1 BbSsS_o s_o$  erwartet werden. Da aber das Gen  $S_o$  nur bei der Abwesenheit von  $B$  auf  $S$  modifizierend einwirken kann, wird es im wesentlichen gleichgültig sein, ob man hier das Gen  $S_o$  mitberechnet oder nicht. Aus diesem Grund wird hier bloss der Einfachheit halber von der Beteiligung von  $S_o$  ganz

abgesehen und werden die Bastarde so behandelt, als ob sie der genotypischen Konstitution  $P_1p_1BbSs$  entsprächen. Dann muss man in ihrer  $F_2$ -Generation, unabhängige Abspaltung vorausgesetzt, die folgenden verschiedenen Genotypen erwarten:

a. Für die Zygoten mit dunkelpurpurnen Blättern, Spelzenspitzen und Hüllspelzen:  $P_1P_1BBSS$  (1);  $P_1P_1BBSs$  (2),  $P_1P_1BbSS$  (2),  $P_1p_1BBSS$  (2);  $P_1P_1BbSs$  (4),  $P_1p_1BBSs$  (4),  $P_1p_1BbSS$  (4);  $P_1p_1BbSs$  (8).

b. Für die Zygoten mit grünen Blättern und dunkelpurpurnen Spelzenspitzen und Hüllspelzen:  $p_1p_1BBSS$  (1),  $p_1p_1BBSs$  (2);  $p_1p_1BbSS$  (2),  $p_1p_1BbSs$  (4).

c. Für die Zygoten mit grünen Blättern, und orangeroten Spelzenspitzen und Hüllspelzen:  $P_1P_1bbSS$  (1),  $P_1P_1bbSs$  (2);  $P_1p_1bbSS$  (2),  $P_1p_1bbSs$  (4);  $p_1p_1bbSS$  (1),  $p_1p_1bbSs$  (2).

d. Für die Zygoten mit grünen Blättern, Spelzenspitzen und Hüllspelzen:  $P_1P_1BBss$  (1),  $P_1P_1Bbss$  (2);  $P_1p_1BBss$  (2),  $P_1p_1Bbss$  (4);  $P_1P_1bbss$  (1),  $P_1p_1bbss$  (2);  $p_1p_1BBss$  (1),  $p_1p_1Bbss$  (2);  $p_1p_1bbss$  (1).

Ob die Tatsachen diese theoretische Erwartung rechtfertigen hängt ab von den Ergebnissen in Generation  $F_2$  bzw.  $F_3$ . Die Durchsicht der Ergebnisse aus der  $F_2$ -Generation zeigt etwas schlechte Übereinstimmung der experimentellen Befunde mit der Theorie, wie man aus Tabelle 3 entnehmen kann.

Tabelle 3.

Nr. der Linie	Blatt dunkelpurpurn	Blatt grün			Summe
	a.	b.	c.	d.	
V	74	21	43	65	203
VI	73	27	26	74	200
gefunden	147	48	69	139	403
erwartet	170.02	56.67	75.56	100.75	
$D/m$	- 2.32	- 1.24	- 0.84	+ 4.40 (1)	

Hier sind die Zygoten mit purpurnen Blättern, Spelzenspitzen und Hüllspelzen zu wenig gefunden worden gegenüber denen mit den grünen, die sich zu zahlreich vorfinden. Trotzdem ist der Beweis dafür, dass die hier aufgestellte Hypothese den experimentellen Befund vollständig erklärt, gerade aus den Ergebnissen aus der  $F_3$ -Generation geliefert worden. Wie man aus der Zusammenstellung der verschiedenen Genotypen in Tabelle 4 ersehen kann, gibt es unter den Phänotypen mit gefärbten Blättern acht verschiedene Genotypen, u. zwar 1 homozygote, 3 mono-, 3 di- und 1 trihybriden Genenkombinationen. Es

1) Diese und nachfolgende Zahlen im Klammer drücken die Anzahl der Kombinationen aus.

seien hier gleich die erwarteten Spaltungsreihen bei je einem einzelnen Genotypus der gefundenen in F<sub>3</sub>-Generation gegenübergestellt, Tabelle 4:

Tabelle 4.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	Blatt dunkel- purpurn	Blatt grün			Summe
		Spelze purpurn	Spelze purpurn	Spelze orangerot	Spelze grün	
<i>P<sub>1</sub>P<sub>1</sub>BbSs</i>	44	79	—	—	24	103
	55	68	—	—	27	95
	57	63	—	—	19	82
	61	91	—	—	19	110
	70	61	—	—	30	91
	84	77	—	—	25	102
	gefunden	439	—	—	144	583
	erwartet	437.25	—	—	145.75	
	<i>D/m</i>	+ 0.17	—	—	— 0.17	
<i>P<sub>1</sub>P<sub>1</sub>BbSS</i>	13	51	—	22	—	73
	32	67	—	19	—	86
	62	40	—	13	—	53
	gefunden	158	—	54	—	212
	erwartet	159.00	—	53.00	—	
	<i>D/m</i>	— 0.18	—	+ 0.16	—	
<i>P<sub>1</sub>P<sub>1</sub>BbSS</i>	34	83	26	—	—	109
	erwartet	81.75	27.25	—	—	
	<i>D/m</i>	+ 0.28	— 0.28	—	—	
<i>P<sub>1</sub>P<sub>1</sub>BbSs</i>	1	29	—	6	8	43
	3	40	—	16	26	82
	4	53	—	29	30	112
	12	53	—	19	35	107
	17	42	—	16	23	81
	20	53	—	18	21	92
	35	44	—	12	17	73
	42	38	—	8	25	71
	43	47	—	17	18	82
	45	59	—	21	27	107
	46	59	—	10	33	102
	47	65	—	18	29	112
	66	61	—	16	30	107
	69	36	—	15	15	66
	gefunden	679	—	221	337	1237
	erwartet	695.81	—	231.94	309.25	
	<i>D/m</i>	— 0.96	—	— 0.80	+ 1.82	

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	Blatt dunkel- purpurn	Blatt grün			Summe
		Spelze purpurn	Spelze purpurn	Spelze orangerot	Spelze grün	
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>BBSs</i>	2	38	12	—	19	69
	11	46	18	—	12	76
	23	49	14	—	33	96
	60	62	27	—	26	115
	67	40	15	—	23	78
	gefunden	235	86	—	113	434
	erwartet	244.12	81.38	—	108.50	
	<i>D/m</i>	— 0.88	+ 0.57	—	+ 0.50	
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>BbSS</i>	33	58	18	21	—	97
	38	62	27	17	—	106
	83	28	12	18	—	58
	88	42	12	21	—	75
	89	66	22	25	—	113
	gefunden	256	91	102	—	449
	erwartet	252.56	84.19	112.25	—	
	<i>D/m</i>	+ 0.33	+ 0.82	— 1.12		
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>BbSs</i>	8	16	11	7	16	50
	9	28	18	12	14	72
	10	18	3	10	19	50
	19	36	11	20	18	85
	24	46	19	20	22	107
	25	37	15	22	33	107
	36	37	20	19	31	107
	37	39	17	14	21	91
	39	47	12	17	16	92
	48	46	14	22	38	120
	56	30	8	10	16	64
	59	33	12	16	32	93
	63	48	22	27	25	122
	68	52	12	21	36	121
	74	33	12	9	7	91
	gefunden	546	206	246	354	1352
	erwartet	570.38	190.12	253.50	338.00	
	<i>D/m</i>	— 1.34	+ 1.24	— 0.52	+ 1.00	

Aus dieser Zusammenstellung ersieht man vor allem, dass das Vorhandensein aller der in Frage kommenden Genotypen sichergestellt ist. Und die dabei gefundenen Spaltungsreihen stimmen grösstenteils ausgezeichnet mit den theoretischen Erwartungsreihen überein. In bezug auf die Zahlenverhältnisse der verschiedenen Genotypen innerhalb der Mono- oder Dihybriden ist aber die Über-

einstimmung mit der Theorie nicht so ausgezeichnet und zwar wurde bei den Monohybriden statt 3.3:3.3:3.3 das Verhältnis 1:3:6, und bei den Dihybriden statt 8:8:8 das Verhältnis 5:14:5 gefunden. Dass aber die theoretisch zu erwartenden Genotypen, mit der Ausnahme von Homozygote  $P_1P_1BBSS$  alle gefunden wurden und nicht mehr, das spricht dafür, dass die Hypothese der Tatsache entspricht. Das Fehlen des Genotypus  $P_1P_1BBSS$  in den Ergebnissen der  $F_3$ -Generation beruht grosser Wahrscheinlichkeit nach darauf, dass die damals gezüchtete Anzahl Linien der Nachkommenpflanzen verhältnismässig gering war. Überdies ist vielleicht die damalige Einstellung daran schuld gewesen, die den Wunsch veranlasste, möglichst viele anscheinend heterozygotische Individuen zu haben, um ja nicht eine der verschiedenen Spaltungen zu verfehlen.

## 2. Die Narbenfarbe.

In einem früheren Aufsatz (1926) ist mitgeteilt worden, dass sich die schwarz violette od. dunkelpurpurne Farbe an der Granne, Narbe und anderen Pflanzenteilen zusammen mit der an den Spelzen und Hüllspelzen als ein Ganzes spaltet. Dementsprechend vollzieht sich beim Bastarde „Karasumoti“  $\times$  „Sinriki“ die Spaltung der Narbenfarbe im Verhältnis von 9 gefärbt zu 7 ungefärbt, weil bei den Zygoten mit rötlichen Spelzenspitzen und Hüllspelzen die Narben ungefärbt bleiben oder nur schwer als gefärbt beurteilt werden können (vergl. auch YAMAGUTI, 1926').

Was nun die Kreuzung „Murasaki-Waitô“  $\times$  „Omati“ betrifft, so ergab sie  $F_1$ -Pflanzen mit purpurn gefärbten Narben. In deren  $F_2$ -Generation fand sich die folgende Spaltung:

Tabelle 5.

Nr. der Linie	Narbe purpurn	Narbe weiss	Summe
V	77	125	202
VI	82	118	200
gefunden	159	243	402
erwartet (27:37)	169.59	232.41	
$D/m$	— 1.06	+ 1.06	

Wenn man für diese Spaltung also annimmt, dass hier ein Unterschied in bezug auf drei Gene vorliegt, so stimmt das Verhältnis von 27 gefärbt: 37 ungefärbt ziemlich gut mit dem Befunde überein. Dass der Fall aber in Wirklichkeit doch anders liegt, kam bei der Durcharbeitung der Ergebnisse in  $F_3$ -Generation zum Vorschein. Zuerst muss man jedenfalls wie beim Falle der Blattfarbe die Beteiligung der Gene  $B$  und  $S$  voraussetzen, weil beim Fehlen des Gens entweder  $B$  oder  $S$  die purpurne Farbe gar nicht an den Narben entstehen kann. Wenn man es also beim vorliegenden Falle wirklich mit der trihybriden Spaltung

zu tun hätte, müsste sich eigentlich etwa ein anderes Gen ( $P_s$  genannt) an der Farbstoffbildung bei der Narbe beteiligen. Die  $F_1$ -Pflanzen, deren genotypische Konstitution in bezug auf die Narbenfarbe, nach den Ergebnissen in  $F_2$ -Generation zu urteilen,  $P_s p_s BbSs$  entsprechen sollte, müssten natürlich in  $F_2$ , die Unabhängigkeit in der Spaltung vorausgesetzt, dem Befunde übereinstimmt die Spaltungsreihe von 27 gefärbt: 37 ungefärbt ergeben. Logisch müsste deshalb, unter der obengenannten Voraussetzung, die Spaltung bei den Zygoten mit der genotypischen Konstitution  $BBSS$  entweder nicht geschehen ( $P_s P_s BBSS$ ) oder im Verhältnis von 3:1 ( $P_s p_s BBSS$ ), bei den Zygoten  $BbSS$  entweder im Verhältnis von 3:1 ( $P_s P_s BbSS$ ) oder im Verhältnis 9:7 ( $P_s p_s BbSS$ ), bei den Zygoten  $BBSs$  ebenso im Verhältnis 3:1 ( $P_s P_s BBSs$ ) oder im Verhältnis 9:7 ( $P_s p_s BBSs$ ), und bei den Zygoten  $BbSs$  entweder im Verhältnis 9:7 ( $P_s P_s BbSs$ ) oder im Verhältnis 27:37 ( $P_s p_s BbSs$ ).

Entgegen dieser theoretischen Erwartung wurden in der  $F_3$ -Generation die folgenden Zahlenverhältnisse in der Spaltung gefunden:

Tabelle 6.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	Narbe		Summe
		purpurn	weiss	
$P_s P_s BBSS$	34	107	1	108
	erwartet	108	0	
	Abweichung	- 1	+ 1	
$P_s P_s BbSS$	13	51	22	73
	32	67	19	86
	33	76	21	97
	38	84	20	104
	62	40	13	53
	83	40	18	58
	88	54	21	75
	89	83	30	113
	gefunden	495	164	659
	erwartet (3:1)	494.25	164.75	
	$D/m$	+ 0.07	- 0.07	
$P_s P_s BBSs$	44	79	24	103
	55	68	27	96
	57	62	20	82
	61	90	20	110
	84	56	28	82
	gefunden	355	117	472
	erwartet (3:1)	354.00	118.00	
	$D/m$	+ 0.11	- 0.11	



Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	Narbe		Summe
		purpurn	weiss	
<i>P<sub>3</sub>φ<sub>3</sub>BBS<sub>3</sub></i>	2	44	25	69
	11	49	27	76
	23	52	44	96
	60	68	47	115
	67	45	33	78
	70	57	30	87
	gefunden erwartet (9:7) <i>D/m</i>	315 293.06 + 1.96	206 227.94 - 1.96	521
<i>P<sub>3</sub>P<sub>3</sub>BbS<sub>3</sub></i>	1	26	17	43
	3	40	42	82
	4	53	59	112
	12	54	53	107
	17	42	39	81
	19	44	41	85
	20	53	39	92
	35	44	29	73
	39	52	44	96
	42	38	33	71
	43	47	35	82
	45	59	48	107
	46	59	43	102
	47	65	47	112
	66	71	46	117
	69	36	30	66
	74	40	31	71
	gefunden erwartet (9:7) <i>D/m</i>	823 843.19 - 1.05	676 655.81 + 1.05	1499
<i>P<sub>3</sub>φ<sub>3</sub>BbS<sub>3</sub></i>	8	21	29	50
	9	34	38	92
	10	18	32	50
	24	48	59	107
	25	38	67	105
	36	44	63	107
	37	41	50	91
	48	47	73	120
	59	38	55	93
	63	50	72	122
	68	58	63	121
	gefunden erwartet (27:37) <i>D/m</i>	437 437.91 - 0.06	601 600.09 + 0.06	1038

Die Betrachtung dieser Ergebnisse zeigt, dass die Spaltung äusserlich mit der Theorie des dreifachen Genenunterschieds ausgezeichnet im Einklang steht. Nur eine Ausnahme davon zeigt sich bei der Zygote  $P_1P_1BBSS$ , wo theoretisch gar keine Spaltung in bezug auf die Narbenfarbe hätte geschehen sollen. Aber während dieser Arbeit ist es immer klarer zu Tage getreten, dass gerade die Feststellung der Farbstoffbildung an der Narbe eine mühsame Arbeit ist und ausserordentlich viel Geduld verlangt. Denn erstens werden die Farbstoffe an der Narbe, besonders bei den Individuen, die in bezug auf das  $S$  heterozygotische Konstitution aufweisen, meistens nur sehr schwach gebildet. Zweitens hat man bis zum Sichtbarwerden der Farbe sogar mehrere Tage nach dem Ausschuss der Rispen zu warten, sodass an früher aufgeblühten Spelzen derselben Rispe noch gar keine Narbenfarbe wahrnehmbar sein kann, trotzdem sie an später aufgeblühten deutlich positiv (mit Lupe!) ausfallen sollte. Dagegen lässt die Farbe sich bei Individuen, die in bezug auf das  $S$  homozygotischer Konstitution sind meistens sehr leicht und frühzeitig, manchmal sogar noch vor dem Ausschiessen der Rispe aus der Blattscheide feststellen. Dementsprechend muss im allgemeinen in den Fällen, wo die Narben als gefärbt beurteilt wurden, mehr eine Täuschung als ausgeschlossen gelten sein als bei den entgegenstehenden Fällen, bei denen die Narben anscheinend ungefärbt sind, weil sie bei den letzteren erst durch wiederholte Bemühungen zum Schluss für „gefärbt“ entschieden werden konnten. Es ist also sehr wahrscheinlich, dass ein Individuum mit ungefärbter Narbe, das zu den Nachkommen der Zygote  $P_1P_1BBSS$  gehört, eigentlich gefärbt sein sollte.

Wenn dem so wäre, so liesse sich die Spaltung der Narbenfarbe bei unseren Fällen ebenso gut wie durch die anscheinend hier zu treffende Drei-Genen-Hypothese auch durch einen Zwei-Genen-Unterschied erklären. In dieser Annahme läge dann eingeschlossen, dass das hier angenommene Gen  $P_1$  mit dem  $S$  identisch ist. Damit stimmt die Spaltung bei den Fällen:  $P_1P_1BBSS$ ,  $P_1P_1BbSS$ ,  $P_1P_1BBSs$  und  $P_1P_1BbSs$  gut überein. Die abweichenden Spaltungen bei den übrigen Fällen:  $P_1p_1BBSs$  (wo nach der zweiten Hypothese die Spaltung im Verhältnis von 3:1 statt 9:7 zu erwarten war) und  $P_1p_1BbSs$  (wo die Spaltung im Verhältnis von 9:7 statt 27:37 hätte erwartet werden sollen) müssten auf einer Verwechselung der sehr schwach gefärbten oder später sich färbenden Individuen mit wirklich ungefärbten beruhen. In der Tat wiesen sowohl elf Individuen, deren Narbe in  $F_2$  als ungefärbt beurteilt werden musste, sowie auch drei Individuen, deren Narbe mit blossen Augen nicht als gefärbt zu erkennen war, in  $F_3$  die Spaltung in Purpurn und Weiss auf, sodass sie selbst auch in Wirklichkeit hätten gefärbt sein müssen. Dagegen liess ein anderes Individuum, dessen Narbe in  $F_2$  trotz der rötlich gefärbten Spelzenspitzen und Hüllspelzen (also  $bbSS$  oder  $bbSs$ ) als gefärbt notiert war, unerwartet in den Nachkommen auch mit der Lupe gar keine Farbstoffbildung wahrnehmen. Wenn also bei der Zygote  $P_1p_1BBSs$  durch sorgfältigere Untersuchung vielmehr die Spaltung in 3:1 statt 9:7 und bei der Zygote  $P_1p_1BbSs$  in 9:7 statt 27:37 zum Schluss die eigentlich richtige wäre, so wäre die Sachlage der Annahme eines 2 Genen-Unterschieds günstig. Wenn man es aber dagegen mit dem Drei-Genen-Unterschied zu tun hätte,

so müssten die Gene *P*<sub>1</sub> und *S* absolut gekoppelt sein, was aber noch zu erforschen ist.

### III. Genenanalyse der Wuchsformen.

Die Kenntnis der Vererbung der Wuchsformen bei Reis ist in recht klares Licht gerückt worden durch die Arbeiten von AKEMINE (1925), NAGAI (1926), PARNELL (1922) und SUGIMOTO (1923). Einzeln von den anderen Eigenschaften getrennt betrachtet verhält sich der Zwergwuchs beim unseren Fall einfach rezessiv zum normalen. Die F<sub>1</sub>-Pflanzen hatten die normale Wuchsform (Tafel II, Fig. 2), die in F<sub>2</sub>-Generation wiesen die folgende Spaltung auf:

Tabelle 7.

Nr. der Linie	Normal	Zwerg	Summe
V	145	67	202
VI	154	46	200
gefunden	299	103	402
erwartet (3:1)	301.50	100.50	
<i>D/m</i>	- 0.29	+ 0.29	

Dementsprechend gaben in der F<sub>3</sub>-Generation 44 von den gesamten 47 Linien mit heterozygotischer Konstitution in bezug auf die betreffenden Gene die einfache 3:1 Spaltung wieder (Tabelle 8, a), während bei den übrigen 3 Linien die dem Verhältnis von 15:1 nahe stehende Spaltung gefunden wurde (Tabelle 8, b).

Tabelle 8.

	Normal	Zwerg	Summe
(a) gefunden	3070	997	4067
erwartet (3:1)	3050.25	1016.75	
<i>D/m</i>	+ 0.71	- 0.71	
(b) gefunden	203	17	220
erwartet (15:1)	206.25	13.75	
<i>D/m</i>	- 0.91	+ 0.91	

Die Übereinstimmung des experimentellen Befundes mit der Erwartung ist bei beiden Fällen recht gut. Ob aber die zuletzt angegebene abweichende Spaltung in unserem Falle sicher existiert oder doch durch äussere oder innere Um-

ständen verursacht wurde, ist augenblicklich noch nicht entschieden. So hat man sich vorläufig mit der Spaltung im Verhältnis von 3:1 zu begnügen; das dabei wirksame Gen sei mit  $D$  bzw.  $d$  bezeichnet.

In bezug auf die Wirkung des Gens  $D$  bzw.  $d$  ist es bemerkenswert, dass das Gen  $d$  in homozygotischer Kombination (also  $dd$ ) ausser der Wirkung auf den ganzen Wuchshabitus ebenso auf das Längenwachstum der Granne hemmend wirkt, sodass die Zwergpflanzen trotz des homozygotischen Vorhandenseins des Gens für die Granne ( $N'N'$ ) immer grannenlos oder jedenfalls sehr schwach und kurz begrannt sind. Bei begrannnten, normal wachsenden Individuen lassen sich aber äusserlich gar keine augenscheinlichen Unterschiede an der Grannenlänge wahrnehmen, weder an der Homozygote ( $DD$ ) noch an der Heterozygote ( $Dd$ ). Ausserdem ist es sehr wahrscheinlich, dass das Gen  $d$  in homozygotischer Kombination auch auf die Länge der Spelzen, Rispen, Blätter und der anderen Organe einen ähnlichen Einfluss ausübt, da die Länge dieser Organe bei den Zwergpflanzen immer kürzer ist als die der normalen.<sup>1)</sup> Es muss aber in den letzteren Fällen auch mit anderen Möglichkeiten gerechnet werden, sodass zur Feststellung dieser Tatsache noch eine umfangreiche quantitative Untersuchung erforderlich ist. Was die Wirkung von  $d$  in homozygotischer Kombination auf das Gen für die Granne anbetrifft, so ist diese dagegen als sichergestellt zu betrachten, weil das Gen  $N'$  bei unserem Falle homozygotisch vorhanden ist und an den Zwergpflanzen sehr kurze (etwa 1 mm oder noch kürzere) Grannen auf einigen vereinzelt Spelzen wahrnehmbar waren. Den Grund zur Annahme von homozygotischem Vorhandensein des Gens  $N'$  liefert eben die Tatsache, dass die Kreuzung der äusserlich unbegrannnten „Murasaki-Waitô“ mit einer ebenso unbegrannnten Sorte von Rotreis die begrannnte  $F_1$ -Pflanze ergab. In deren  $F_2$ -Generation spaltete die Granne im Verhältnis von 9:7 begrannt zu unbegrannt, was äusserlich das Vorhandensein der zwei Paar Genenunterschiede für die Granne vorspiegeln könnte. In Wirklichkeit trat aber diese Spaltung trotz der Beteiligung von bloss ein Paar Gene für die Granne deshalb zu Tage, weil bei Zwergpflanzen wegen des Einflusses von Gen  $dd$  die Granne ausnahmslos ausgeblieben war. Die Ergebnisse dieser Kreuzung sollen aber neben anderen in einem späteren Aufsatz mitgeteilt werden.

Hier sei weiter über das quantitative Verhältnis einiges erwähnt. Bei der einen Elternpflanze „Omati“ findet sich die Granne nicht auf allen Spelzen der Rispe, sondern nur auf den 25–40%igen, von denen die meisten früher, ja am 1.–3. Tage von Beginn des Blühens an der einzelnen Rispe aufzublühen pflegen (vergl. YAMAGUTI, 1919). Die Grannen der Bastardpflanzen sind sowohl in bezug auf ihre Häufigkeit innerhalb der einzelnen Rispe als auch in ihrer Länge den Grannen der begrannnten Elternpflanze „Omati“ ganz ähnlich und beträgt die Häufigkeit der begrannnten Spelzen 50% und die Längenvariation 1–40 mm. Dass die Häufigkeit der Granne bei  $F_1$ -Pflanzen etwas grösser ist als bei „Omati“, ist merkwürdig, weil die Sorte „Omati“ mit einer ganz unbegrannnten Sorte

1) Mit diesem Problem ist augenblicklich NAKAYAMA in meinem Laboratorium beschäftigt.

„Sinriki“ die  $F_1$ -Pflanzen gab, bei welchen die Häufigkeit der begrannnten Spelze innerhalb je einer Rispe 10—15% betrug, was viel weniger ist als bei der begrannnten Elternpflanze. Die Kreuzung von „Sinriki“ mit einer anderen begrannnten Sorte „Karasumoti“ ergab ebenso eine ganz entsprechende Häufigkeit der begrannnten bei  $F_1$ -Pflanzen (YAMAGUTI, 1926). Diese Tatsachen sprechen auch dafür, dass die Sorte „Murasaki-Waitô“ trotz der äusserlichen Ähnlichkeit mit der Sorte „Sinriki“ in ihrer genetischen Konstitution von dieser verschieden sein muss. Ob das bei der Sorte „Murasaki-Waitô“ homozygotisch vorhandene Gen für die Granne mit dem  $N$  bei der Sorte „Omati“ identisch ist, oder doch mit einem anderen  $N$ , welches eine kumulative Wirkung auf die Grannenentwicklung hat, kann nicht ohne weiteres gleich entschieden werden.

Eine ähnliche Erscheinung wie bei der Grannenentwicklung findet sich auch bei der Spelzenlänge. Die Spelzenlänge beträgt bei der Sorte „Omati“ durchschnittlich 6.5 mm, und bei der Zwergsorte 4 mm, während die Spelzenbreite bei beiden Sorten übereinstimmend 3.5 mm beträgt. Bei den  $F_1$ -Pflanzen beträgt die Spelzenlänge 6.5 mm und die Breite 3.5 mm. Also liegt hier ein Fall der vollkommenen Dominanz der längeren auf die kürzeren vor. Die weitere quantitative Untersuchung dieser Erscheinung an den  $F_2$ -Nachkommen ist noch nicht vollständig durchgearbeitet, doch ist äusserlich sicher, dass die normale Wuchsform immer mit längeren, die Zwergform mit kürzeren Spelzen kombiniert ist, sodass die Spaltung in bezug auf die Spelzenlänge nach dem Schema 3 : 1 geschehen muss, ganz wie dies bei der Wuchsform der Fall ist.

#### IV. Genenanalyse der Ausschusszeiten.

Was die näheren Umstände für diese Untersuchung angeht, so muss bemerkt werden, dass die Bastardpflanzen im Jahre 1927 in Sendai kultiviert waren. Die Beobachtung ihrer Ausschusszeiten war aber aus einem äusserem Grunde unmöglich, da ich gerade Ende August nach Kurashiki verreist war, um dort zur weiteren Fortsetzung der vorjährigen Studien die Ausschusszeiten der beinahe zwanzigtausend  $F_3$ -Pflanzen aus Kreuzung „Sinriki“  $\times$  „Karasumoti“ festzustellen. Die  $F_2$ -Pflanzen der hier in Frage kommenden Kreuzung waren diesmal statt in Sendai wieder in Kurashiki auf dem Versuchsfelde des Ôhara Instituts weiter kultiviert. Die dabei festgestellten Ausschusszeiten sind in folgender Tabelle und in Fig. 1 wiedergegeben.

(Tabelle 9, s. S. 16. Fig. 1, s. S. 17.)

Tabelle 9.

Nr. der Linie	Ausschusszeit:																			Summe	Durchschnittl. Ausschusszeit
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19		
V	3	2	6	12	15	9	12	28	30	36	11	16	6	9	4	2				201	9.21
VI	1	5	7	9	14	12	15	21	16	32	11	8	18	18	4	2	2	1		196	9.65
gefunden in Klassen mit zweitägigem Spielraum eingeteilt	4	7	13	21	29	21	27	49	46	68	22	24	24	27	8	4	2	1		397	9.45
	4		20		50		48		95		90		48		35		6		1	(397)	9.48 (M)

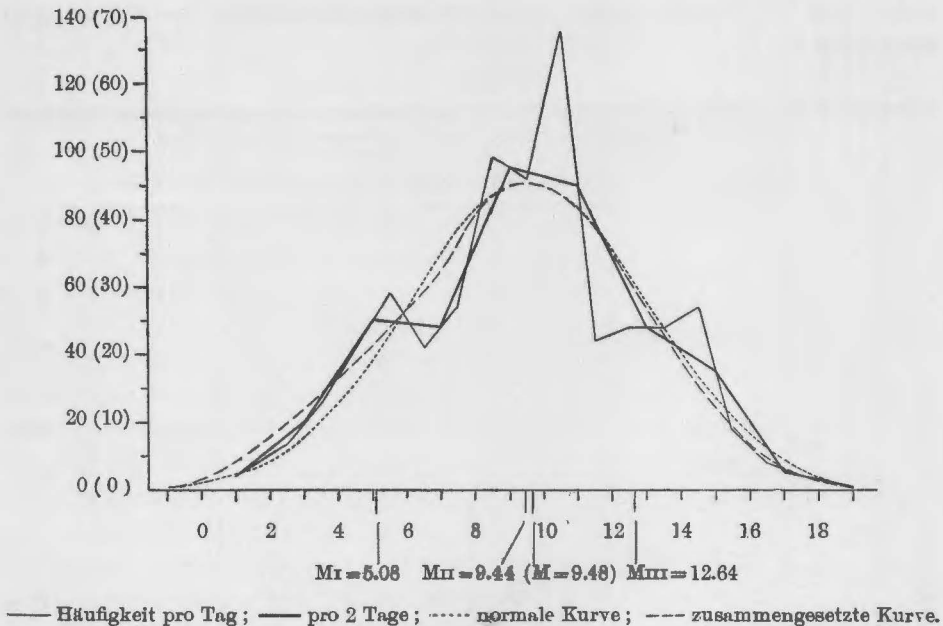
Für die Darstellung der Ausschusszeiten ist der 23. August als Ausgangspunkt genommen und zwischen 1. u. 2. gestellt.

Aus diesen Ergebnissen kann man etwa vier Häufigkeitsmaxima entnehmen, und zwar am 5.—6., 8.—9., 10.—11. und 14.—15. Darunter sind das zweite und dritte, am 8.—9. bzw. 10.—11., grosser Wahrscheinlichkeit nach zusammenzuschliessen, sodass hier drei Häufigkeitsmaxima resultieren würden. Wenn man die gefundene Variationsreihe in Klassen mit dem Spielraum: 0—2, 2—4, 4—6 usw. einteilt, so resultiert die Reihe, die in der untersten Zeile der Tabelle 9 angegeben ist. Wie auch aus Fig. 1 ersichtlich ist, ist das Vorhandensein von drei Maxima in der Häufigkeit eben durch die letzt genannte Einteilung nicht ganz verdeckt worden. In der nächsten Generation haben sich von den betreffenden  $F_2$ -Pflanzen der Linie V 24 als dem ersten Maximum, 36 dem zweiten und 11 dem dritten gehörig erwiesen. Die durchschnittliche Ausschusszeit der betreffenden drei Gruppen beträgt je 5.08 (Mr), 9.44 (Mn) bzw. 12.64 (Mm). Bei den 397 Individuen können die wirkliche Mittelwerte für jede Gruppe nur wenig von den Werten bei 71 Individuen abweichen, sodass diese ohne grossen Fehler als die wirklichen angenommen werden können. Die an diesen Punkten aufgestellten idealen Verteilungskurven für die gesamte Anzahl (397) im Verhältnis von 1:2:1 setzen sich aber zusammen zu einer Kurve, die von der für die Gesamtzahl für sich an ihrem Mittelpunkt M (9.48) aufgestellten normalen nur wenig abweicht, wie man an Fig. 1 sehen kann. Das beruht darauf, dass der Abstand der beiden seitlichen Mittelpunkte von dem mittleren, wegen der Einteilung in Klassen mit dem Spielraum von zwei Tagen, für den Kurvenverlauf fast keinen Ausschlag geben kann.

In den Figg. 1—3 ist die Häufigkeit auf der Ordinate angegeben. Die Zahlen im Klammer beziehen sich der Häufigkeit für je Tag, sonst der für je 2 Tage.



Fig. 1.



Was das Gen für die Ausschusszeit anbetrifft, so war es mir schon bei der Kreuzungsanalyse der Bastardpflanzen zwischen „Omati“ und „Sinriki“ klar, dass „Omati“ in bezug auf die Ausschusszeit das bei der Sorte „Sinriki“ festgestellte Gen  $F_1$  in homozygotischer Kombination besitzen muss. So ist die zerstreute Spaltung der Ausschusszeiten in  $F_2$ -Generation dieser Kreuzung zwischen den „Murasaki-Waitô“ und „Omati“ nicht auf das Gen  $F_1$ , sondern auf das andere  $F_2$  zurückzuführen. Mit dieser Annahme hat man der Sorte „Omati“, die Konstitution  $F_1F_1f_2f_2$ , und der Sorte „Murasaki-Waitô“  $F_1F_1F_2F_2$  zuzuschreiben. Die Ausschusszeit der Bastardpflanze, von den Ergebnissen in der  $F_2$ -Generation zurückbetrachtet, müsste eben zwischen denen der beiden Elternpflanzen erwartet werden. Wegen der Veränderung der äusseren Bedingungen kann die wirkliche Ausschusszeit der  $F_1$ -Pflanzen in Sendai etwas von der in Kurashiki abweichen, wie man bei der Besprechung der Ergebnisse von in Nordostjapan kultivierten  $F_3$ -Pflanzen ersehen würde.

Die Pflanze mit der genotypischen Konstitution  $F_1F_1F_2F_2$  hatte auch in Generation  $F_2$  der Bastarde wie die entsprechende Elternpflanze wieder ganz die frühere Ausschusszeit; bei den Zygoten mit der genotypischen Konstitution  $F_1F_1f_2f_2$  entsprach die Ausschusszeit auch die der einen anderen, spät ausschliessenden Elternpflanze. Dass die Individuen des zweiten Maximums grösstenteils zur Zygote mit der genotypischen Konstitution  $F_1F_1F_2f_2$  gehörten, ergab sich klar aus den Ergebnissen in der Generation  $F_3$ . Die einzelnen Daten aus der  $F_3$ -Generation neben den betreffenden durchschnittlichen Ausschusszeiten sind im Anhang, Tabellen I—III am Schluss dieses Aufsatzes angegeben. Zwischen den wirklich gefundenen einzelnen Ausschusszeiten der  $F_2$ -Pflanzen und den durch-

schnittlich aus den  $F_3$ -Nachkommen der betreffenden Pflanzen berechneten, findet sich, soweit die Studien reichen, eine sehr starke Korrelation, die in Tabelle 10 angegeben ist.

Tabelle 10.

		Durchschnittliche Ausschusszeit, aus Ergebnissen in F <sub>3</sub> errechnet.																								
		14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35			
Ausschusszeit der einzelnen F <sub>2</sub> -Pflanze	1							1	1	1																3
	2																									2
	3	1				1																				4
	4	1	1	2																						5
	5					1	2				1	1														6
	6					2	1	1	1			1														2
	7					1	1																			3
	8							1			1		1													9
	9					2	1			1	3		1		1											10
	10							1	2		3	1	3													14
	11							1		1	1	3	2	2		1	1	1		1						3
	12														2	1										4
	13										1						1			2						4
	14											1				1			2							2
	15															1	1									1
	16																			1						1
	17																					1				1
		2	1	5	4	6	4	3	4	8	7	6	5	3	4	3	1	2	3	1	.	1			73	

$$r = +0.823 \pm 0.038$$

Bei der Aufstellung dieser Tabelle ist der Ausgangspunkt für Ausschusszeitenreihe am 23. August genommen und zwischen den Klassengrenzen 1 und 2 gestellt.

Wie es bei den individuellen Ausschusszeiten der Fall war, können die durchschnittlichen Ausschusszeiten der Zygoten je mit der genetischen Konstitution  $F_1F_1F_2F_2$ ,  $F_1F_1F_2f_2$ , und  $F_1F_1f_2f_2$  ebenso übereinander liegen. Die Korrelationstabelle aber zeigt, dass die durchschnittlichen Ausschusszeiten vom 14. bis 20. Tage grösstenteils zur Zygote  $F_1F_1F_2F_2$ , die vom 20. bis 27. Tage zur Heterozygote  $F_1F_1F_2f_2$ , und die vom 27. bis 34. Tage zur  $F_1F_1f_2f_2$  zugeschrieben werden können. Dementsprechend findet sich bei den Homozygoten je eine monomodale Häufigkeitsverteilung der einzelnen Ausschusszeiten betreffender  $F_3$ -Nachkommenpflanzen, und bei den Heterozygoten eine trimodale, wie aus der Zusammenstellung im Anhang zu ersehen ist. Die Verteilung der gesamten

Tabelle 11.  
Ergebnisse in F<sub>3</sub>-Generation.

Genotyp. Konstitution	Klassengrenze der Ausschusszeit:																Summe	Durchschnittl. Ausschusszeit
	9	11	13	15	17	19	21	23	25	27	29	31	33	35	37	39	41	
$F_1F_1F_2F_2$	3	64	282	642	662	357	92	67	34	4	10						2217	17.59 (M <sub>II</sub> )
$F_1F_1F_2f_2$	1	12	110	306	327	296	382	479	549	287	396	139	83	20	.	1	3388	23.77 (M)
$F_1F_1f_2f_2$						2	11	41	148	237	379	250	120	110	14	1	1313	30.26 (M <sub>III</sub> )

Anzahl der Individuen bei den betreffenden Homo- und Heterozygoten ist auch in Fig. 2 und 3 wiedergegeben. In Fig. 2 sind die Häufigkeitsverteilungen bei den Homozygoten angegeben, während Fig. 3 die der Heterozygoten angibt, und zwar beziehen sich die idealen Kurven bei allen diesen Fällen auf die in Klassen mit dem Spielraum von zwei Tagen eingeteilten Reihen, wie sie in Tabelle 11 angegeben sind. Für die Heterozygote ist die Kurve aus drei betreffenden idealen zusammengesetzt angegeben, indem man zuerst für die Nachkommen der Zygoten  $F_1F_1F_2F_2$  und  $F_1F_1f_2f_2$  mit derselben durchschnittlichen Ausschusszeit wie die der entsprechenden Homozygoten die ideale Verteilung für je ein Viertel der Gesamtzahl errechnet; dann wurde diese theoretische Zahlenreihe von der gesamten abgezogen, um so bei den übrigen die durchschnittliche Ausschusszeit bzw. die ideale Verteilung der Ausschusszeiten für sich allein feststellen zu können. Die so gefundene durchschnittliche Ausschusszeit weicht nur ganz wenig von der bei den gesamten ab, da sie nämlich statt 23.77 (M), 23.96 (M<sub>II</sub>) gab.

Aus dem Vergleich der Zerstreuungskurve bei den Nachkommen der Heterozygote in F<sub>3</sub>-Generation mit der bei den F<sub>2</sub>-Pflanzen ist leicht zu entnehmen, dass sich zwischen ihnen ein ganz übereinstimmender Kurvenverlauf findet. Nur ein Unterschied besteht; bei den F<sub>3</sub>-Pflanzen ist nämlich die Kurve für die Heterozygote, ebenso wie die der Homozygoten, mehr nach rechts, d. h. um 12–16 Tagen zur späteren Seite verschoben als bei den F<sub>2</sub>-Pflanzen, was sicher dem Umstand entspricht, dass die F<sub>3</sub>-Pflanzen nicht in Kurashiki, sondern in Kogota bei Sendai kultiviert wurden. Überdies beträgt der Spielraum zwischen den beiden Extremitäten der Ausschusszeiten hier 30 Tage gegen etwa 16–18 Tagen bei den F<sub>2</sub>-Pflanzen aus Kurashiki, was

entweder von dem Unterschied der Anzahl Individuen bei beiden Generationen, oder was wahrscheinlicher ist, von der Veränderung der Kulturbedingungen verursacht sein wird.

Fig. 2.

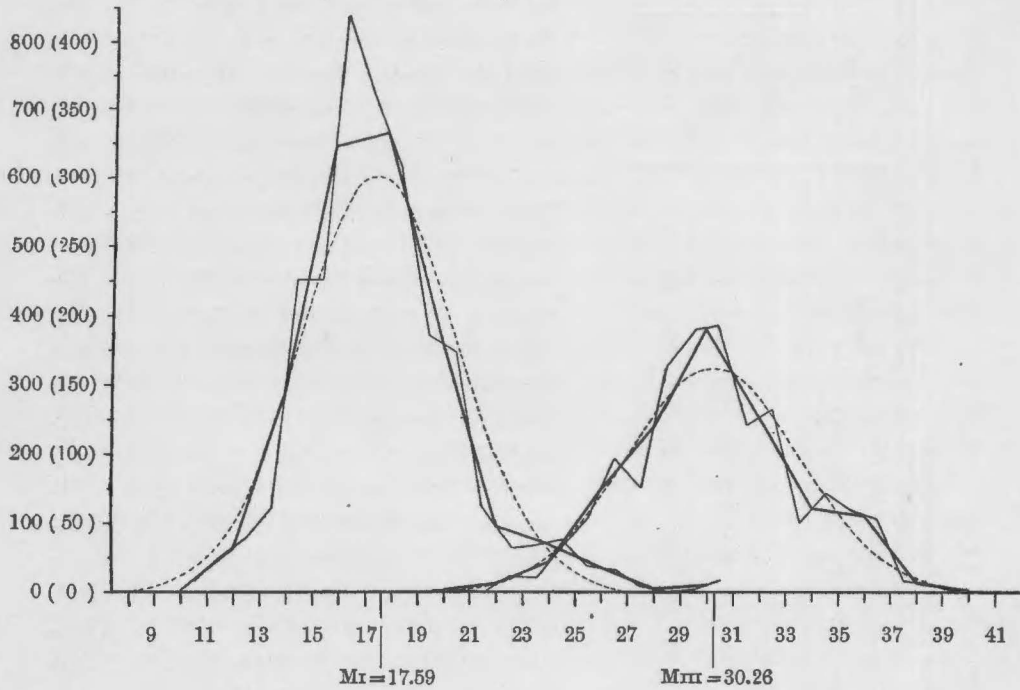
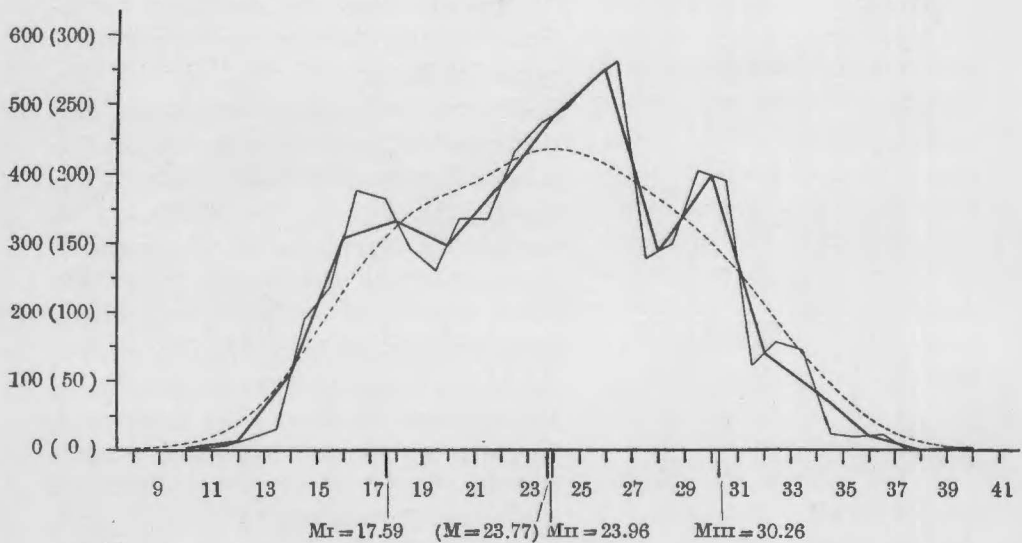


Fig. 3.



— Häufigkeit pro Tag; — pro 2 Tage; ..... ideale bzw. zusammengesetzte Kurve.

Die Durchsicht der Verteilung der Ausschusszeiten bei den Nachkommenpflanzen der einzelnen Linie (s. Anhang) zeigt aber deutlich, dass zwischen ihnen noch ein weiterer kleiner aber allgemeiner Unterschied wahrzunehmen ist, unabhängig davon, ob es sich um die Zygote  $F_1F_1F_2F_2$ ,  $F_1F_1F_2f_2$  oder  $F_1F_1f_2f_2$  handelt. So ist es sehr wahrscheinlich, dass dieser Unterschied ebensogut auch von einem inneren Grunde herrühren kann, weil die Pflanzen auf dem Keimbette wie auf dem Versuchsfelde die gleiche Behandlung erfuhren. Natürlich ist es nicht ganz ausgeschlossen, dass etwa ein ganz kleiner Unterschied der Behandlung während ihrer Keimstadien darauf von ausschlaggebendem Einfluss war, da die Keimlinge bis zum Umpflanzen in einem WAGNER'schen Topf je einzeln getrennt kultiviert wurden. Diese Frage lässt sich nicht ohne weiteres leicht entscheiden. Doch, sowohl aus dem Kurvenverlauf wie aus der Streuungsweite halte ich es für sehr wahrscheinlich, dass der Unterschied genetischer Natur ist. Das verantwortliche Gen heiße  $F_3$  bzw.  $f_3$ . Weiter sei angenommen, dass das Gen  $F_3$  bei einfacher Dosis 2 Tage, bei doppelter Dosis 4 Tage früher als  $f_3f_3$  Kombination veranlasse, die Rispen auszuschießen, während das Ausschießen bei entsprechender Dosis von Gen  $F_2$  6—7 bzw. 12—14 Tagen früher stattfindet<sup>1)</sup>. Dementsprechend muss man unter jeder Zygote  $F_1F_1F_2F_2$ ,  $F_1F_1F_2f_2$  und  $F_1F_1f_2f_2$  nochmals je drei verschiedenen Genotypen  $F_3F_3$ ,  $F_3f_3$  und  $f_3f_3$  unterscheiden. Dieser Gedanke hat sich mir erst bei der Durcharbeitung der Ergebnisse aus Nordostjapan aufgedrängt. In Südwestjapan würde mir, da das Gen  $F_3$  dort einen geringeren Unterschied der Ausschusszeiten verursacht, diese Beobachtung wohl entgangen sein. Unter diesem Umstande ist mir nicht gelungen zu bestimmen, ob je einer Elternpflanze die genotypische Konstitution  $F_1F_1F_2F_2F_3F_3$  oder  $F_1F_1F_2F_2f_3f_3$ , bzw. die  $F_1F_1f_2f_2f_3f_3$  oder  $F_1F_1f_2f_2F_3F_3$  zuzuschreiben ist. Nur das ist sicher, dass der Bastardpflanze die genotypische Konstitution  $F_1F_1F_2f_2F_3f_3$  entsprechen muss.

Im Anhang, Tabellen I—III sind die gefundenen Verteilungen der Ausschusszeiten bei den betreffenden Genotypen angegeben. Da aber die Ausschusszeiten recht kontinuierlich waren, behält die Beurteilung der Genotypen vorläufig etwas provisorisches, bis man sie durch eine umfangreiche Untersuchung über die  $F_4$ -Nachkommen prüfen können. Der Vergleich der Verteilung der Ausschusszeiten zwischen den verschiedenen Linien wird uns doch den Gedanken nahelegen, dass wir es hier wenigstens mit Zwei-Genen-Unterschieden zu tun haben. Was die Spaltung des Genenpaares  $F_2$  bzw.  $f_2$  anbetrifft, so zeigt die Analyse der Ausschusszeiten nach der aufgestellten Hypothese eine treffliche Übereinstimmung mit der gefundenen, wie man aus Tabelle 11 und in Fig. 2 u. 3 ersehen kann.

1)  $F_2$  bzw.  $F_3$  leidet in ihrer Wirkung von den Jahresschwankungen bzw. von der Veränderung der Kulturbedingungen. In Kurashiki veranlasst das Vorhandensein von  $F_3f_3$  bzw.  $F_3F_3$  die Ausschusszeiten etwa 1 bzw. 2 Tagen, und das  $F_2f_2$  bzw.  $F_2F_2$  etwa 4 bzw. 8 Tagen früher als es bei  $f_3f_3$  bzw.  $f_2f_2$  der Fall ist.

## V. Die gegenseitigen Beziehungen zwischen je zwei Genen wie sie hier jeweilig in Frage kommen.

In der vorliegenden Kreuzung sind die Gene:  $S$ ,  $B$ ,  $M$ ,  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $D$ ,  $F_2$  und  $F_3$  in verschiedene Kombinationen eingetreten. Es unterliegt heute keinem Zweifel, dass die gegenseitigen Beziehungen zwischen den allen je zwei Genenpaaren unbedingt präzisiert werden müssen, wenn man in die Genetik des betreffenden Gegenstandes eine tiefere Einsicht gewinnen will. Im Folgenden seien, soweit es mir verfügbar ist, die Spaltungen je zweier Genenpaare bei allen möglichen Kombinationen niedergelegt. Und zwar kommen dabei in Frage die Beziehungen innerhalb der folgenden Genen-Kombinationen:  $S-B$ ,  $S-M$ ,  $S-P_1$ ,  $S-P_2$ ,  $S-D$ ,  $S-F_2$ ,  $S-F_3$ ,  $B-M$ ,  $B-P_1$ ,  $B-P_2$ ,  $B-D$ ,  $B-F_2$ ,  $B-F_3$ ,  $M-P_1$ ,  $M-D$ ,  $M-F_2$ ,  $M-F_3$ ,  $P_1-D$ ,  $P_1-F_2$ ,  $P_1-F_3$ ,  $D-F_2$  und  $D-F_3$ . Die übrigen Kombinationen:  $M-P_2$ ,  $P_1-P_2$ ,  $D-P_2$ ,  $F_2-P_2$  und  $F_3-P_2$  sind hier nicht berücksichtigt, weil die Frage, ob das Gen  $P_2$  eigentlich von  $S$  getrennt aufgestellt werden muss, noch unentschieden ist. Der Grund dafür, dass die Genenpaare  $S-P_2$  und  $B-P_2$  trotzdem hier ausnahmsweise berücksichtigt wurden, liegt darin, dass sich dadurch vielleicht ein klares Bild von  $P_2$  gewinnen lassen könnte.

### 1. $S-B$ .

Die unabhängige Spaltung des Gens  $S$  von  $B$  ist bei einer anderen Kreuzung, wo das Gen  $P_1$  für die Blattfarbe nicht eingetreten sind, festgestellt worden (1926). Die Ergebnisse aus  $F_3$ -Generation von der Kreuzung „Murasaki-Waitô“  $\times$  „Omari“ stimmt damit ganz gut überein, wie man aus Tabelle 12 ansehen kann (vergl. auch Tabelle 4).

Tabelle 12.

Genotyp. Konstitution	SB	Sb	sB	sb	Summe
$Ss Bb P_1 P_1$	679	221	337		1237
$Ss Bb P_1 p_1$	752	246	354		1352
gefunden	1431	467	691		2589
erwartet (9:3:4)	1456.31	485.44	647.25		

$$\chi^2 = 4.09$$

### 2. $S-M$ .

Zwischen  $S$  und  $M$  findet sich, wie bei einer anderen Kreuzung der Fall war, eine lockere Koppelung, und neben der Repulsionsphase der Verkoppelung bei den meisten Linien ist auch die Koppelungsphase bei einer Linie (Nr. 47) gefunden worden (s. Tabelle 13 u. 14).



Tabelle 13.

Nr. der Linie	SM	Sm	sM	sm	Summe
1	26	9	7	1	43
2	35	11	16	1	63
3	41	15	22	3	81
4	62	20	29	1	112
8	24	10	16	—	50
9	35	23	14	—	72
10	26	5	18	1	50
11	51	13	12	—	76
12	51	20	35	—	106
15	51	25	27	1	104
17	37	21	22	1	81
19	45	22	17	1	85
20	45	20	20	—	85
23	42	21	33	—	96
24	50	30	20	—	100
25	37	26	25	2	90
35	49	17	19	—	85
36	50	17	25	2	94
37	52	17	18	3	90
39	48	23	15	1	87
42	32	13	25	—	70
43	42	17	15	1	75
45	50	26	26	1	103
46	32	21	18	2	73
48	60	17	32	2	111
49	48	19	31	1	99
55	45	15	26	—	86
57	38	18	18	—	74
59	41	15	30	—	86
60	59	29	26	—	114
63	65	20	24	1	110
66	46	27	26	3	102
67	32	16	21	—	69
68	57	23	35	—	115
69	25	15	10	—	50
70	39	18	28	—	85
74	43	10	16	1	70
gefunden	1611	684	817	30	3142
erwartet ( $r:s = 1:4$ )	1602.42	754.08	754.08	31.42	
$D/m$	+ 0.31	— 2.93	+ 2.63	— 0.25	

Tabelle 14.

Linie 47	SM	Sm	sM	sm	Summe
gefunden	50	6	8	12	76
erwartet ( $r:s = 4:1$ )	50.16	6.84	6.84	12.16	

$$\chi^2 = 0.30$$

3. S—P<sub>1</sub>.

Dass die Gene *S* und *P*<sub>1</sub> unabhängig von einander in der Spaltung sind, ist bei der Besprechung der F<sub>2</sub>- bzw. F<sub>3</sub>-Ergebnisse in bezug auf die Blattfarbe vorausgesetzt worden. Um darüber eine kritische Betrachtung zu geben seien hier die Ergebnisse aus den Zygoten mit der betreffenden Genen-Kombination (*SsBBP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>*) aufgenommen. Es zeigt sich deutlich, dass die Unabhängigkeit der betreffenden Gene bei der Spaltung wirklich der Fall ist.

Tabelle 15.

	SP <sub>1</sub>	Sp <sub>1</sub>	sP <sub>1</sub>	sP <sub>1</sub>	Summe
gefunden	235	86	113		434
erwartet	244.12	81.38	108.50		

$$\chi^2 = 0.79$$

4. S—P<sub>s</sub>.

Mit der besonderen Rücksicht auf die Verzögerung der Farbstoffbildung an den Narben, besonders bei den Heterozygoten, wurde eine erneute Untersuchung der Nachkommen der F<sub>2</sub>-Pflanzen ausgeführt u. z. in bezug auf die Farbe der Spelzenspitzen und der Narben. Diese entsprach ja, wenn überhaupt die Beteiligung der drei Gene für dieselbe angenommen werden kann, der genotypischen Konstitution *SsBBP<sub>s</sub>p<sub>s</sub>*. Die Resultate sind in Tabelle 16 angegeben. Dort sind die Anzahl Individuen für sP<sub>s</sub> mit der für sp<sub>s</sub> zusammen angegeben, weil die Wirkung des Gens *P<sub>s</sub>* ohne Mitwirkung von *S* nicht realisiert werden kann.

Tabelle 16.

Nr. der Linie	SP <sub>s</sub>	Sp <sub>s</sub>	sP <sub>s</sub>	sp <sub>s</sub>	Summe
2	44	6	19		69
11	49	15	12		76
23	52	11	33		96
60	68	21	26		115
67	45	10	23		78
gefunden	258	63	113		434
erwartet ( $r:s = 1.8:1$ )	261.84	63.61	108.50		

$$\chi^2 = 0.24$$

Wie man sieht, stimmt die gefundene Zahlenreihe mit der idealen etwas schlecht überein, indem  $\chi^2$  5.13 beträgt. Die Rechnung ergibt, dass eine Koppelung mit dem Austauschwert 35.9% stattfindet. Es wurde aber auch bei der Zygote  $SsBBP_sP_s$ , wo keine  $Sp_s$  Individuen durch Austausch entstehen kann, eine abweichende Zahlenreihe gefunden (Tabelle 17). Es lässt sich dabei für den Austauschwert 2.2% errechnen.

Tabelle 17.

Nr. der Linie	$SP_s$	$Sp_s$	$sP_s$ $sp_s$	Summe
44	79	—	24	103
55	68	—	27	95
57	62	1	19	82
61	90	—	20	110
70	57	4	30	91
84	56	1	25	82
gefunden	412	6	145	563
erwartet ( $r:s = 44:1$ )	416.06	6.19	140.75	
$D/m$	— 0.39	—0.08	+ 0.41	

Neuerdings hat CHAO (1928) mitgeteilt, dass er zwischen  $P_s$  und  $M$  (nach seinem Zeichen  $S_{a1}$  und  $G_1$ ) eine Koppelung mit dem Austauschwerte 18.51% fand. Wenn das Gen  $P_s$  in dem betreffenden Chromosom an der gleichen Seite wie  $S$  gegen  $M$  sitze, was von der Beziehung zu einem anderen Gen derselben Koppelungsgruppe betrachtet höchst wahrscheinlich ist, so muss logisch zwischen  $S$  und  $P_s$  etwa 1.5—3.5%iger Austausch bestehen, weil zwischen  $S$  und  $M$  etwa 20—22%iger Austausch stattfindet. Der zweite unserer beiden Fälle scheint äusserlich damit gut übereinzustimmen. Dagegen ist der Austausch beim ersten zu gross, und die Spaltung liegt ebenso gut dem Verhältnis von 9:3:4 sehr nahe. In dieser Beziehung ist es beachtenswert, dass beim zweiten Falle, wo die Individuen unter  $SP_s$  und  $Sp_s$  in bezug auf die Blattfarbe ausnahmslos  $SSBBP_1P_1$  entsprach, die Häufigkeit der  $Sp_s$  Individuen nur 1.4% der Summe von  $SP_s$  und  $Sp_s$  betrug. Beim ersten waren sie aber bezüglich der Blattfarbe heterozygotisch bedingt und sowohl  $SP_s$  als  $Sp_s$  Individuen entweder  $P_1P_1$ ,  $P_1p_1$  oder  $p_1p_1$  in dieser Beziehung gewesen. Darauf muss die Tatsache beruhen, dass dort die Häufigkeit der  $Sp_s$  Individuen sogar 18.9% der gesamten  $SP_s$  und  $Sp_s$  betrug. Das spricht für eine Interferenz der Wirkung von  $P_1$  bei der Farbstoffbildung an den Narben, sodass die Narbenfarbe bei  $P_1p_1$  und  $p_1p_1$  schwächer werden und manchmal der Beobachtung entgehen kann. So bin ich noch sehr skeptisch darüber, ob hier eine lockere Koppelung zwischen  $S$  und  $P_s$  bestehen soll. Vielmehr bin ich augenblicklich zur Ansicht geneigt, dass die hier angeblich durch Austausch entstandenen betrachteten Individuen auf Beobachtungsfehler zurückgeführt werden müssen, sodass das Gen  $P_s$  vielmehr mit dem  $S$  identisch wäre.

## 5. S—D.

Die Gene S und D spalten unabhängig von einander, wie man aus Tabelle 18 entnehmen kann. Dabei ist ein Defizit für Zwergpflanzen augenfällig, indem das Verhältnis von normalen zu den Zwergpflanzen 1581 : 469 ist. Das beruht darauf, dass die Zwergpflanzen vor der Umpflanzung auf das Versuchsfeld mit normalen gemengt auf dem Keimbett kultiviert waren, wodurch sie leicht in ihrer Entwicklung zurückblieben, und entweder bei der Umpflanzung übergesehen wurden oder zu dieser Zeit schon zu Grunde gegangen waren. Die für diese Abweichung korrigierte theoretische Zahlenreihe stimmt ganz ausgezeichnet mit der gefundenen, indem  $\chi^2$  0.50 beträgt.

Tabelle 18.

Nr. der Linie	SD	Sd	sD	sd	Summe
2	31	13	17	—	61
3	42	14	20	6	82
4	57	25	23	7	112
12	54	18	27	8	107
20	54	17	7	4	82
23	46	17	26	7	96
25	62	12	22	11	107
35	56	14	18	2	90
36	59	21	22	9	111
39	59	15	14	2	90
45	66	14	19	8	107
43	59	10	22	11	102
47	63	20	23	6	112
48	70	12	29	9	120
60	72	17	23	3	115
66	61	16	23	7	107
67	40	15	17	6	78
68	68	17	27	9	121
70	42	19	21	9	91
84	91	28	29	11	159
gefunden	1152	334	429	135	2050
theoret. Erwartung (korrigiert)	1146.03	339.97	434.97	129.03	

$$\chi^2 = 0.50$$

6. S—F<sub>1</sub>.

Die betreffenden Ergebnisse aus Zygoten  $Ss F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 F_3$  und  $Ss F_1 F_1 F_2 f_2 f_3 f_3$  sind in Tabelle 19 angegeben. Übrigens könnten die Ergebnisse aus der Zygote  $Ss F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 f_3$  ebenso gut wie die vorigen bei der Prüfung dieser Beziehung einbezogen werden, weil durch die Einteilung der Ausschusszeiten in bezug auf das Gen  $F_2$  bzw.  $f_2$  die Wirkung von  $F_3$  bzw.  $f_3$  verdeckt wird. Die gefundenen Zahlenreihen sind in Tabelle 20 angegeben. Es ist bei beiden Fällen klar, dass sich die Gene  $S$  und  $F_2$  unabhängig von einander in der Spaltung verhalten, im Gegensatz zum Falle von  $S$  und  $F_1$  (damals  $F_x$  gezeichnet), wo eine lockere Koppelung festgestellt wurde (YAMAGUTI, 1927).

Tabelle 19.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	SF <sub>2</sub>	Sf <sub>2</sub>	sF <sub>2</sub>	sf <sub>2</sub>	Summe
$Ss F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 F_3$	23	44	20	26.5	6.5	97
♦	35	42.5	27.5	16	4	90
♦	39	57.5	18.5	13	3	92
♦	74	42	12	13.5	3.5	71
$Ss F_1 F_1 F_2 f_2 f_3 f_3$	24	63	22	17.5	4.5	107
♦	36	57	23	23.5	7.5	111
♦	45	60	19	20	7	106
♦	61	67	23	15.5	4.5	110
♦	67	37	18	18	5	78
gefunden		470	183	163.5	45.5	862
erwartet (9:3:3:1)		484.87	161.63	161.63	53.87	

$$\chi^2 = 4.60$$

Tabelle 20.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	SF <sub>2</sub>	Sf <sub>2</sub>	sF <sub>2</sub>	sf <sub>2</sub>	Summe
$Ss F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 f_3$	9	43	15	11	3	72
♦	20	47.5	17.5	18	2	85
♦	25	54.5	19.5	26.5	6.5	107
♦	37	51	19	18.5	2.5	91
♦	43	48.5	15.5	12.5	5.5	82
♦	44	56	23	20	4	103
♦	46	53	15	27	6	101
♦	55	50	18	25	2	95
♦	57	49	14	13	6	82
♦	68	61.5	18.5	25	10	115
gefunden		514	175	196.5	47.5	933
erwartet (9:3:3:1)		524.81	174.94	174.94	58.31	

$$\chi^2 = 4.88$$

7. S—F<sub>3</sub>.

Für die Prüfung dieser Beziehung können nur die Ergebnisse aus den Zygoten  $Ss F_1 F_1 F_2 F_2 F_3 f_3$  und  $Ss F_1 F_1 f_2 f_2 F_3 f_3$  von Wert sein. Demnächst sind diese Ergebnisse angegeben.

Tabelle 21.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	SF <sub>3</sub>	Sf <sub>3</sub>	sF <sub>3</sub>	sf <sub>3</sub>	Summe
$Ss F_1 F_1 F_2 F_2 F_3 f_3$	2	34.5	11.5	15.5	1.5	63
„	3	44.5	11.5	22.5	3.5	82
„	4	54.5	27.5	27.5	2.5	112
„	10	23.5	7.5	15	4	50
„	11	46	18	11	1	76
„	12	49.5	20.5	30.5	4.5	105
„	17	37.5	20.5	19	4	81
„	19	51	16	14	4	85
$Ss F_1 F_1 f_2 f_2 F_3 f_3$	47	49	34	22.5	6.5	112
„	66	52.5	23.5	27	3	106
gefunden		442.5	190.5	204.5	34.5	872
erwartet (9:3:3:1)		490.50	163.50	163.50	54.50	
(r:s = 1:2.25)		455.40	198.60	198.60	19.40	

Bei r:s = 1:1  $\chi^2 = 26.78$ ; bei r:s = 1:2.25  $\chi^2 = 12.12$

Aus dem gefundenen Zahlenverhältnis lässt sich ein Austauschwert von 30.7% berechnen, sodass sich hier eine lockere Koppelung vorfindet. Bei den anderen Zygoten, die in bezug auf das F<sub>3</sub> homozygotisch sind, wurde erwartungsgemäss eine ganz unabhängige Spaltung gefunden, wie aus den Ergebnissen in Tabelle 22 erhellt.

Tabelle 22.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	S		s		Summe
		früh	spät	früh	spät	
$Ss F_1 F_1 F_2 F_2 F_3 F_3$	8	25.5	8.5	13.5	2.5	50
$Ss F_1 F_1 F_2 F_2 f_3 f_3$	1	24.5	10.5	7.5	0.5	43
„	42	34	12	19.5	5.5	71
„	59	44	17	23.5	8.5	93
$Ss F_1 F_1 f_2 f_2 F_3 F_3$	60	64.5	24.5	19.0	7	115
„	69	36.5	14.5	14.5	0.5	66
$Ss F_1 F_1 f_2 f_2 f_3 f_3$	70	43	18	27	3	91
gefunden		272	105	124.5	27.5	529
theoret. Erwartung (korrigiert)		282.57	94.43	113.93	38.07	

$\chi^2 = 5.49$



Somit ist eine innige Beziehung zwischen ihnen festgestellt. Hier erhebt sich nun folgende Frage: wie steht denn das Gen  $F_3$  zum  $F_1$ ? Es wurde bei der Betrachtung von Ergebnissen aus der Kreuzung zwischen den Sorten „Sinriki“ und „Karasumoti“ mitgeteilt, dass das Gen  $F_1$  (damals  $F_x$  genannt) ebenso in Koppelung steht, wobei ein Austauschwert von 24–45% errechnet wurde. Worin die Ursache dieser grossen Abweichung im Austauschwerte zu suchen ist, war damals unentschieden geblieben. Erst mit der Entdeckung der Koppelung zwischen  $S$  und  $F_3$  bin ich im Stande, mit grosser Wahrscheinlichkeit auszusprechen, dass die damalige Abweichung durch die heterozygotische Konstitution sowohl in bezug auf das Gen  $F_1$  als auf das Gen  $F_3$  bedingt sein kann. Da das Gen  $F_3$  auf die Ausschusszeit höchstens nur um einige Tage verschiebend wirkt, konnte der Unterschied der Ausschusszeiten bei den Nachkommen der Bastarde zwischen „Murasaki-Waitô“ und „Omami“ erst durch die Züchtung in Nordostjapan, wo dieser Unterschied bedeutend grösser ist als im Süden, festgestellt werden; andererseits erklärt das auch, dass die Beteiligung des Gens  $F_3$  eben bei den Bastarden zwischen „Sinriki“ und „Karasumoti“ wegen der Züchtung in Südwestjapan leicht übersehen werden konnte.

### 8. B—M.

Die Ergebnisse aus  $F_3$ -Generation sind in folgender Tabelle angegeben.

Tabelle 23.

Nr. der Linie	BM	Bm	bM	bm	Summe
13	39	6	15	7	69
32	45	13	15	3	76
33	54	21	15	6	96
38	49	14	14	2	79
62	20	2	5	2	29
gefunden	207	58	64	20	349
erwartet (9:3:3:1)	196.31	65.44	65.44	21.81	
$D/m$	+ 1.15	— 1.02	— 0.20	— 0.40	

Hier leuchtet es klar ein, dass wir eine unabhängige Spaltung vor uns haben. Die hier angegebenen Zahlenreihen sind ausnahmslos aus den Nachkommen der  $F_2$ -Zygoten mit der genotypischen Konstitution  $SSBbMm$  in bezug auf die Spelzenfarbe und Endospermeigenschaften entnommen.

Um weiter zur Beziehung zwischen den genannten Genen eine Ergänzung zu machen, kann man etwa die Ergebnisse aus den Nachkommen der Zygote  $SsBbMm$  brauchen, indem man die Zygoten mit  $ss$ , also grünspelzige Pflanzen, ausser Acht lässt. Die Ergebnisse sind in Tabelle 24 zusammengestellt.

Tabelle 24.

Nr. der Linie	BM	Bm	bM	bm	Summe
1	21	8	5	1	35
3	30	10	11	5	56
4	40	14	22	6	82
8	20	7	4	3	34
9	29	17	6	6	58
10	18	5	13	—	36
17	29	13	8	8	58
19	31	16	14	6	67
24	43	23	13	7	86
25	28	18	9	8	63
35	38	12	11	5	66
36	39	12	11	5	67
37	44	11	8	6	69
42	26	12	6	1	45
43	32	11	10	6	59
45	35	21	15	5	76
46	28	17	4	4	53
48	41	14	19	3	77
49	41	5	9	1	56
59	28	13	13	2	56
63	48	11	17	9	85
66	37	22	9	5	73
68	39	20	18	3	80
69	15	12	10	3	40
74	44	10	9	—	63
gefunden	824	334	274	108	1540
theoret. Erwartung (korrigiert)	825.64	332.36	272.36	109.64	

$$\chi^2 = 0.05$$

Das gefundene Zahlenverhältnis steht vielmehr mit dem der Erwartung nach 6.6:3:2.2:1 besser im Einklang als mit dem Verhältnis 9:3:3:1, weil die Spaltung der Endospermeigenschaften innerhalb der Zygoten mit jeweilig gefärbten Spelzen (d. h. *SS* oder *Ss*) wegen der *S-M*-Koppelung nach 2.2:1 anstatt nach 3:1 geschah. So unterliegt es keinem Zweifel, dass zwischen den Genen *B* und *M* ganz unabhängige Spaltung herrscht; in Wirklichkeit stimmt die korrigierte theoretische Reihe mit der gefundenen so gut überein, dass  $\chi^2$  0.05 beträgt.

9. B—P<sub>1</sub>.

In bezug auf diese Beziehung wurde schon bei der Besprechung der Genanalyse der Blattfarbe eine voneinander unabhängige Spaltung angenommen. So werden also hier nur die Gesamtergebnisse aus den Nachkommen der fünf F<sub>2</sub>-Pflanzen mit der genotypischen Konstitution *SSBbP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>* wieder angegeben, um zu zeigen, dass sie der Hypothese entsprechen.

Tabelle 25.

	BP <sub>1</sub>	Bp <sub>1</sub>	<u>bP<sub>1</sub>    bP<sub>1</sub></u>	Summe
gefunden	256	91	102	449
erwartet (9:3:4)	252.56	84.19	112.25	
D/m	+ 0.33	+ 0.82	— 1.12	

Zur Stütze dieser Betrachtung können daneben auch die Ergebnisse aus den Nachkommen der F<sub>2</sub>-Pflanzen mit der Konstitution *SsBbP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>* zur Verfügung gestellt werden, indem dabei die sämtlichen Zygoten mit den grünen Spelzen (d. h. mit *ss*) vernachlässigt werden. So bekommt man die folgende Zahlenreihe (s. Tabelle 26).

Tabelle 26.

	BP <sub>1</sub>	Bp <sub>1</sub>	<u>bP<sub>1</sub>    bP<sub>1</sub></u>	Summe
gefunden	546	206	246	998
erwartet (9:3:4)	561.37	187.13	249.50	
D/m	— 0.98	+ 1.53	— 0.28	

Die Übereinstimmung der gefundenen mit der Erwartung ist in allen Fällen ziemlich gut, sodass man daraus auf eine unabhängige Spaltung der betreffenden Gene schliessen muss.

10. B—P<sub>1</sub>.

Meiner Ansicht nach muss das Gen *P*, vielmehr mit dem *S* identisch sein, sodass die Beziehung zwischen *B—P*, die der *B—S* gleich wäre. Doch sei hier einmal ein Gen *P*, als bestehend angenommen, und seine Beziehung zu *B* folgendermassen betrachtet. Die für diese Prüfung geeignete Zygote *SSBbP<sub>1</sub>P<sub>1</sub>P<sub>1</sub>* war mir unter den gezüchteten nicht verfügbar. So wurden die betreffenden Zahlenverhältnisse an den Nachkommen der F<sub>2</sub>-Pflanzen, deren genotypische Konstitution angeblich *SsBbP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>* entspricht, gesammelt, indem man die Nachkommenpflanzen mit grünen Spelzen ausser Acht liess (s. Tabelle 27). Hier scheint eine unabhängige Spaltung statt zu haben. Doch ergibt die Rechnung eine schwache Koppelung mit einem Austauschwerte von 42.3%, und  $\chi^2$  beträgt

hier 0.04 gegen den entsprechenden Wert 2.30 der Erwartung nach unabhängiger Spaltung.

Tabelle 27.

Nr. der Linie	BP <sub>s</sub>	Bp <sub>s</sub>	<u>bP<sub>s</sub></u> <u>bp<sub>s</sub></u>	Summe
8	21	6	7	34
9	34	12	12	58
10	18	3	10	31
24	48	17	20	85
25	38	13	22	73
36	44	13	19	76
37	41	15	14	70
48	47	13	22	82
59	38	7	16	61
63	50	20	27	97
68	58	6	21	85
gefunden	437	125	190	752
erwartet (9:3:4)	423.00	141.00	188.00	
(r:s = 1.36:1)	439.23	125.11	187.66	

Bei r:s = 1:1  $\chi^2 = 2.30$ ; bei r:s = 1.36:1  $\chi^2 = 0.04$

Dagegen wurde bei der Zygote *SSBbP<sub>i</sub>P<sub>i</sub>P<sub>s</sub>P<sub>s</sub>*, wo keine Bp<sub>s</sub> Individuen erwartet werden, eine unerwartete Spaltungsreihe gefunden, wie in Tabelle 28 angegeben ist. Diese Reihe zeigt die Existenz einer starken Koppelung an mit etwa 2.2%igem Austauschwerte. Die Durchsicht der dort angegebenen einzelnen Spaltungsreihen ergibt aber, dass die Bp<sub>s</sub> Individuen bloss in den Linien 38 und 89 gefunden wurden, und zwar mit ziemlich grosser Häufigkeit. Wenn man sie von den übrigen wegnimmt und den Rest allein betrachtet, so ergibt sich eine einfache Spaltung, was für die Identität des Gens *P<sub>s</sub>* mit dem *S* oder für eine absolute Koppelung zwischen ihnen spricht.

Tabelle 28.

Nr. der Linie	BP <sub>s</sub>	Bp <sub>s</sub>	<u>bP<sub>s</sub></u> <u>bp<sub>s</sub></u>	Summe
13	51	—	22	73
32	67	—	19	86
33	76	—	21	97
38	84	3	17	104
62	40	—	13	53
63	40	—	18	58
88	54	—	21	75
89	83	5	25	113
gefunden	495	8	156	659
erwartet (r:s = 40:1)	486.31	7.94	165.75	
D/m	+ 0.77	+0.02	— 0.79	

Dieser Widerspruch ist meiner Ansicht nach bloss von der Schwierigkeit für die Beurteilung der Narbenfarbe verursacht worden; diese Schwierigkeit ist um so grösser, wenn man es mit dem Trihybrid in bezug auf die Blattfarbe zu tun hat, ganz wie beim Falle  $S-P$ , berücksichtigt war. Und zwar beträgt die Häufigkeit der unerwarteten  $B_p$  Individuen beim zweiten Falle, wo die Nachkommenpflanzen  $B_P$  und  $B_p$  in bezug auf die Blattfarbe ausnahmslos  $SSBBP_iP_i$  entsprachen, etwa 1.6% der gefärbten (d. h.  $B_P$  u.  $B_p$ ). Dagegen beträgt sie beim ersten, wo sowohl  $B_P$  als auch  $B_p$  in bezug auf die Blattfarbe entweder  $P_iP_i$ ,  $P_ip_i$  oder  $p_ip_i$  sein kann, sogar 21.7% der jeweils gefärbten. So ist es aus dieser Beziehung zwischen  $B$  u.  $P$ , ebenso sehr wahrscheinlich, dass das Gen für die Blattfarbe ( $P_i$ ) in ihrer Repräsentation wie  $P_iP_i$  oder  $p_ip_i$  auf die Farbstoffbildung an den Narben störend einwirkt. Die grössere Häufigkeit der Individuen  $B_p$  in Tabelle 28 entspricht diesen Umständen.

Weiter spricht die starke Koppelung zwischen  $B$  und  $P$ , gegen die Annahme, dass  $S$  und  $P$ , in starker Koppelung stehen. Denn es dürfte logisch, je nach dem Sitz des  $B$  an dem betreffenden Chromosom gegen  $S$ , eben eine starke oder schwache Koppelung zwischen  $S$  und  $B$  erwartet werden, weil sich sowohl zwischen  $S$  und  $P$ , als auch zwischen  $B$  und  $P$ , eine fast gleich starke Koppelung findet, wobei der Austauschwert um etwa 2 bis 36 bzw. 42% variiert. In Wirklichkeit erwies sich die Spaltung bei ihnen als ganz unabhängig. Alles im Allem ist es unter Berücksichtigung dieser Umstände ratsam, auf eine Koppelung zwischen ihnen nicht voreilig zu schliessen. Ich bin vielmehr zur Ansicht geneigt, dass sich zwischen dem  $B$  und dem angeblichen Gen ( $P_i$ ) für die Farbstoffbildung in den Narben keine Koppelung findet und die Spaltung schliesslich mit der von  $B$  und  $S$  übereinstimmt.

## 11. B—D.

Die Ergebnisse sind unten in Tabelle 29 angegeben. Die Übereinstimmung mit der Erwartung nach der idealen Reihe 9:3:3:1 ist nicht gut. Das Zahlenverhältnis von  $B:b$  beträgt hier 1056:338. Was das Verhältnis von  $D:d$  anbetrifft, so wurde 1082:312 gefunden, womit eine geringere Repräsentation der Zwergpflanzen augenscheinlich ist. Die mit Rücksicht auf diese Tatsache korrigierte theoretische Zahlenreihe stimmt dagegen ganz gut mit der gefundenen, indem  $\chi^2$  1.68 beträgt. Somit ist die Unabhängigkeit der betreffenden Genen bei der Spaltung sichergestellt.

Tabelle 29.

Nr. der Linie	BD	Bd	bD	bd	Summe
2	29	9	10	2	50
3	31	9	11	5	56
4	36	17	21	8	82
12	42	11	12	7	72

(Fortsetzung der Tabelle 29.)

Nr. der Linie	BD	Bd	bD	bd	Summe
13	36	16	19	3	74
20	36	17	18	—	71
25	44	8	18	4	74
35	44	10	10	4	68
36	46	15	13	6	80
38	66	21	12	5	104
39	45	14	14	3	76
45	53	6	13	8	80
46	49	10	10	—	69
47	49	16	14	4	83
48	49	11	21	1	82
66	45	16	16	—	77
68	49	15	19	2	85
89	62	24	20	5	111
gefunden	811	245	271	67	1394
erwartet (korrigiert)	819.65	236.35	262.35	75.65	

$$\chi^2 = 1.68$$

12. B—F<sub>2</sub>.

Wenn man hierbei nur auf die jeweils gefärbten Individuen Rücksicht nimmt, erhält man aus dem Ergebnis in F<sub>2</sub>-Generation die folgende Zahlenreihe.

Tabelle 30.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	BF <sub>2</sub>	Bf <sub>2</sub>	bF <sub>2</sub>	bf <sub>2</sub>	Summe
<i>Bb F<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>2</sub>f<sub>2</sub>F<sub>3</sub>f<sub>3</sub></i>	V	77	25	34	9	145
♦	VI	78	25	25	13	141
gefunden		155	50	59	22	286
erwartet (9:3:3:1)		160.87	53.63	53.63	17.87	
<i>D/m</i>		— 0.70	— 0.55	+ 0.81	+ 1.01	

Die Übereinstimmung des gefundenen mit dem theoretischen idealen Zahlenverhältnis ist nicht schlecht; die kleinen Abweichungen beruhen ausschliesslich

darauf, dass das Verhältnis von B:b anstatt 214.5:71.5 zwar 205:81 war, d. h. b-Individuen zahlreicher sich fanden als es der theoretischen Erwartung entsprach.

Als weitere Ergänzung dazu können hier die Ergebnisse aus  $F_3$ -Generation berücksichtigt werden. Die Ergebnisse bei den Nachkommen der  $F_2$ -Individuen mit der genotypischen Konstitution  $Bb F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 F_3$  und  $Bb F_1 F_1 F_2 f_2 f_3 f_3$  sind in Tabelle 31 angegeben. Überdies können die Nachkommen der  $F_2$ -Individuen mit der genotypischen Konstitution  $Bb F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 f_3$  auch zur Prüfung dieser Beziehung einbezogen werden, weil die Wirkung von  $F_3$  bzw.  $f_3$  durch die stärkere Wirkung des  $F_2$  bzw.  $f_2$  ganz verdeckt wird (Tabelle 32). Die Übereinstimmung ist in allen Fällen ziemlich gut. Mit Recht kann also geschlossen werden, dass sich die Gene  $B$  und  $F_2$  ganz unabhängig von einander spalten.

Tabelle 31.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	BF <sub>2</sub>	Bf <sub>2</sub>	bF <sub>2</sub>	bf <sub>2</sub>	Summe
$Bb F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 F_3$	32	47.5	19.5	18.5	0.5	86
♦	35	33.5	20.5	9	7	70
♦	39	46	13	11.5	5.5	76
♦	74	35.5	9.5	6.5	2.5	54
♦	83	29.5	10.5	13.5	4.5	58
$Bb F_1 F_1 F_2 f_2 f_3 f_3$	24	46	19	17	3	85
♦	36	41	17	13	6	77
♦	45	64	21	16	6	107
♦	62	32	8	10	3	53
gefunden		375	138	115	38	666
erwartet (9:3:3:1)		374.62	124.88	124.88	41.62	

$$\chi^2 = 2.47$$

Tabelle 32.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	BF <sub>2</sub>	Bf <sub>2</sub>	bF <sub>2</sub>	bf <sub>2</sub>	Summe
$Bb F_1 F_1 F_2 f_2 F_3 f_3$	9	36	10	7	5	58
♦	13	33	18	21	1	73
♦	20	32.5	14.5	15	3	65
♦	25	37	15	17.5	4.5	74
♦	37	42	14	9	5	70
♦	38	63	24	16.5	0.5	104
♦	43	35.5	11.5	13	4	64
♦	46	46.5	12.5	6.5	2.5	68
♦	68	49	15	16	5	85
gefunden		374.5	134.5	121.5	30.5	661
erwartet (9:3:3:1)		371.81	123.94	123.94	41.31	

$$\chi^2 = 3.79$$



13. B—F<sub>3</sub>.

Bei den Nachkommen der Zygoten  $Bb F_1 F_1 F_2 F_2 F_3 f_3$  und  $Bb F_1 F_1 f_2 f_2 F_3 f_3$  wurde die folgende Zahlenreihe gefunden, die in Tabelle 33 angegeben ist. Daraus ist ersichtlich, dass dort sowohl die Anzahl der  $f_3$ - als die der  $b$ -Individuen grösser ausgefallen ist als erwartet werden sollte. Die Korrektur der theoretischen Zahlenreihe hilft dabei wenig, da  $\chi^2$  25.62 beträgt. Nach EMERSON'Scher Formel berechnet gibt die gefundene Zahlenreihe eine Koppelung mit einem Austauschwert von 18.3% an, was aber zu hoch liegt. Wahrscheinlich handelt es sich hier um eine schwächerer Koppelung, etwa mit einem Austauschwert von 30%.

Gegen dieses Ergebnis spricht aber die Tatsache, dass die Zygoten, deren genotypischer Konstitution nach der Spaltungsweise ihrer Nachkommenpflanzen sicher  $Bb F_1 F_1 F_2 F_2 F_3 F_3$ ,  $Bb F_1 F_1 F_2 F_2 f_3 f_3$  bzw.  $Bb F_1 F_1 f_2 f_2 F_3 F_3$  sein müssen, eine von den theoretischen abweichende Zahlenreihe ergab (Tabelle 34). Die Korrektur für die theoretische Zahlenreihe hilft auch hierbei nichts, weil dabei  $\chi^2$  16.90 noch immer beträgt. Nach der Berechnung beträgt der Austauschwert 32.6%. Es ist also sehr wahrscheinlich, dass in die Beurteilung der Beteiligung von  $F_3$  bzw.  $f_3$  leicht ein Fehler eintreten kann. Um diese Frage zu entscheiden dazu reicht das vorliegende Material nicht aus.

Tabelle 33.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	BF <sub>3</sub>	Bf <sub>3</sub>	bF <sub>3</sub>	bf <sub>3</sub>	Summe
$Bb F_1 F_1 F_2 F_2 F_3 f_3$	3	31	9	13.5	2.5	56
♦	4	28.5	24.5	26	3	82
♦	10	14.5	6.5	9	1	31
♦	12	32.5	20.5	19	—	72
♦	17	25.5	16.5	12	4	58
♦	19	33.5	13.5	17.5	2.5	67
♦	33	55.5	20.5	17	4	97
$Bb F_1 F_1 f_2 f_2 F_3 f_3$	47	37.5	27.5	11.5	6.5	83
♦	63	39.5	26.5	22.5	2.5	91
♦	66	41	20	11.5	3.5	76
gefunden		339	185	159.5	29.5	713
erwartet (korrigiert)		366.36	157.64	132.14	56.86	
erwartet ( $r:s = 1:2$ )		376.30	158.45	158.45	19.80	

Bei  $r:s = 1:1$   $\chi^2 = 25.62$ ; bei  $r:s = 1:2$   $\chi^2 = 12.90$

Tabelle 34.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	B		b		Summe
		früh	spät	früh	spät	
<i>Bb F<sub>1</sub> F<sub>1</sub> F<sub>2</sub> F<sub>2</sub> F<sub>3</sub> F<sub>3</sub></i>	8	19.5	7.5	6	1	34
<i>Bb F<sub>1</sub> F<sub>1</sub> F<sub>2</sub> F<sub>2</sub> f<sub>3</sub> f<sub>3</sub></i>	1	19	10	5.5	0.5	35
♦	42	27	11	7	1	46
♦	59	30.5	14.5	13.5	2.5	61
<i>Bb F<sub>1</sub> F<sub>1</sub> f<sub>2</sub> f<sub>2</sub> F<sub>3</sub> F<sub>3</sub></i>	48	43.5	16.5	20	2	82
♦	69	23	13	13.5	1.5	51
♦	89	61	27	23.5	1.5	113
gefunden		223.5	99.5	89.0	10.0	422
erwartet (korrigiert)		239.19	83.81	73.31	25.69	
erwartet ( $r:s = 1:2$ )		222.72	93.78	93.78	11.72	

Bei  $r:s = 1:1$   $\chi^2 = 16.90$ ; bei  $r:s = 1:2$   $\chi^2 = 0.85$

14. M—P<sub>1</sub>.

Als das eigentliche Prüfungsmaterial können hier die Nachkommen der Zygote mit der genotypischen Konstitution *MmP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBB* betrachtet werden. Hiervon steht mir nur eine Linie (Nr. 34) zur Verfügung. Bei der zu kleinen Anzahl Individuen bei dieser Linie kann man zur Ergänzung dazu die Ergebnisse mit der Zygote *MmP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBb* heranziehen, indem man dabei nur die Individuen mit dunkel purpurnen Spelzen in Betracht zieht. Die Ergebnisse sind in Tabelle 35 zusammengestellt. Wie man sieht ist die Übereinstimmung der gefundenen mit der theoretischen Zahlenreihe ausgezeichnet. Sie spalten sich unabhängig von einander.

Tabelle 35.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	MP <sub>1</sub>	Mp <sub>1</sub>	mP <sub>1</sub>	mp <sub>1</sub>	Summe
<i>MmP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBB</i>	34	55	18	19	4	96
<i>MmP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBb</i>	33	41	13	16	5	75
♦	38	33	16	11	3	63
gefunden		129	47	46	12	234
erwartet ( $9:3:3:1$ )		131.62	43.88	43.88	14.62	
<i>D/m</i>		— 0.35	+ 0.52	+ 0.35	— 0.71	

Wenn man nun aus den Nachkommen der Zygoten  $MmP_1p_1SsBB$  und  $MmP_1p_1SsBb$  eine weitere Stütze gewinnen will, so können dazu die beistehenden Ergebnisse dienen (Tabelle 36). Auch hier sind nur die Individuen mit dunkel purpurnen Spelzen berücksichtigt. Die Übereinstimmung mit dem idealen Verhältnis ist bei diesen Fällen etwas schlecht. Daran hat Schuld die Koppelung zwischen den Genen  $S$  und  $M$ . Und zwar vollzieht sich hier die Spaltung von  $M$  bzw.  $m$ , indem hierbei nur die Phänotypen  $SBM$  und  $SBm$  in Betracht kommen können, nicht im Verhältnis von 3:1. Was das Verhältnis von  $B:b$  anbetrifft, so ist da ebenfalls eine kleine Abweichung augenscheinlich. Die für diese Tatsache korrigierte theoretische Zahlenreihe stimmt ganz gut mit der gefundenen überein, indem  $\chi^2$  1.49 beträgt. So ist man berechtigt anzunehmen, dass sich  $M$  und  $P_1$  unabhängig von einander spalten.

Tabelle 36.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	MP <sub>1</sub>	Mp <sub>1</sub>	mP <sub>1</sub>	mp <sub>1</sub>	Summe
<i>MmP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SsBB</i>	2	29	6	7	4	46
♦	23	32	10	17	4	63
♦	60	37	22	25	4	88
♦	67	22	10	13	3	48
<i>MmP<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SsBb</i>	9	18	11	9	8	46
♦	24	44	13	17	6	80
♦	25	20	8	12	6	46
♦	36	25	15	9	3	52
♦	37	31	13	7	4	55
♦	39	31	7	14	5	57
♦	48	29	12	13	1	55
♦	59	20	8	9	4	41
♦	63	30	18	8	3	59
♦	68	32	7	16	4	59
♦	74	24	10	9	1	44
gefunden		424	170	185	60	839
erwartet (korrigiert)		431.16	162.84	177.84	67.16	

$$\chi^2 = 1.49$$

## 15. M—D.

Die Ergebnisse in den Generationen  $F_2$  und  $F_3$  sind in Tabellen 37 und 38 angegeben. Die in der  $F_2$ -Generation gefundenen Zahlenreihe stimmt ganz gut mit der theoretischen überein. Unter Nachkommen der  $F_3$ -Generation sind aber  $dd$  und  $mm$  Pflanzen in sehr geringer Zahl vorhanden, sodass die gefundene Zahlenreihe von der theoretischen 9:3:3:1 sehr grosse Abweichung aufweist. Doch die gegen diese Unregelmässigkeit korrigierte theoretische Reihe stimmt ganz ausgezeichnet mit der gefundenen überein, indem  $\chi^2$  1.20 beträgt. Somit

unterliegt es keinem Zweifel, dass wir es bei den Genen *M* und *D* mit Unabhängigkeit in der Spaltung zu tun haben.

Tabelle 37.  
Ergebnisse aus  $F_2$ -Generation.

Nr. der Linie	MD	Md	mD	md	Summe
V	115	42	30	14	201
VI	117	33	36	12	198
gefunden	232	75	66	26	399
erwartet (9:3:3:1)	224.44	74.81	74.81	24.94	

$$\chi^2 = 1.34$$

Tabelle 38.  
Ergebnisse aus  $F_3$ -Generation.

Nr. der Linie	MD	Md	mD	md	Summe
2	39	10	9	3	61
3	50	10	15	4	79
4	66	25	14	7	112
12	69	18	12	8	107
13	42	12	10	5	69
20	54	11	15	5	85
23	58	17	15	6	96
25	52	10	27	1	90
34	62	11	18	5	96
35	58	10	14	3	85
36	64	11	13	7	95
38	53	10	13	3	79
39	51	12	22	2	87
45	62	14	23	4	103
46	40	10	18	5	73
47	47	11	16	2	76
48	49	11	15	4	79
60	74	11	22	7	114
66	55	17	26	4	102
67	43	10	12	4	69
68	71	21	19	4	115
70	52	15	15	3	85
gefunden	1211	287	363	96	1957
erwartet (korrigiert)	1204.83	293.17	369.17	89.83	

$$\chi^2 = 0.69$$

16. M—F<sub>1</sub>.

Die Ergebnisse in der F<sub>2</sub>-Generation sind in Tabelle 39 angegeben. Ohne Zweifel liegt hier ein Fall der unabhängigen Spaltung vor. Weitere Stütze dazu bieten die Zygoten  $MmF_1F_1F_2f_2F_3F_3$  und  $MmF_1F_1F_2f_2f_3f_3$  mit ihrer Spaltung in der nächsten Generation (Tabelle 40). Trotz der geringeren Repräsentation der Zygoten m und f<sub>2</sub> ist die Übereinstimmung des gefundenen mit dem theoretischen Verhältnis 9:3:3:1 ganz gut.

Tabelle 39.

Nr. der Linie	MF <sub>2</sub>	Mf <sub>2</sub>	mF <sub>2</sub>	mf <sub>2</sub>	Summe
V	120	37	33	11	201
VI	110	40	33	13	196
gefunden	230	77	66	24	397
erwartet (9:3:3:1)	223.31	74.44	74.44	24.81	

$$\chi^2 = 1.27$$

Tabelle 40.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	MF <sub>2</sub>	Mf <sub>2</sub>	mF <sub>2</sub>	mf <sub>2</sub>	Summe
$MmF_1F_1F_2f_2F_3F_3$	23	52	23	15.5	5.5	96
♦	32	49.5	10.5	12	4	76
♦	35	47.5	20.5	8.5	8.5	85
♦	39	50	13	17.5	6.5	87
♦	74	47	12	9	4	72
$MmF_1F_1F_2f_2f_3f_3$	24	57.5	13.5	21	9	101
♦	34	63	10	18.5	4.5	96
♦	36	57.5	17.5	15.5	3.5	94
♦	45	56	20	22	4	102
♦	61	61.5	17.5	22	8	109
♦	67	40.5	12.5	11.5	4.5	69
gefunden		582	170	173	62	987
erwartet (9:3:3:1)		555.19	185.06	185.06	61.69	

$$\chi^2 = 3.31$$

17. M—F<sub>3</sub>.

Aus den Zygoten  $MmF_1F_1F_2F_2F_3f_3$  und  $MmF_1F_1f_2f_2F_3f_3$  wurde in ihrer nächsten Generation folgende Zahlenreihe gefunden, die in Tabelle 41 angegeben ist. Die Spaltung zeigt eine Abweichung von der Theorie, und die Korrektur dieser Unregelmässigkeit ändert daran wenig, da  $\chi^2$  dennoch 12.18 beträgt. Die Berechnung gibt für den Austauschwert 40%, was dem Gametenverhältnis 1.5:1:1:1.5 entspricht. Die berechnete Zahlenreihe für die Koppelung stimmt besser mit der gefundenen, weil  $\chi^2$  nur 1.08 beträgt. So ist mit grosser Wahrscheinlichkeit zu schliessen, dass wir es zwischen  $M$  und  $F_3$  mit einer lockeren Koppelung zu tun haben. Trotzdem bei anderen Linien, deren genotypische Konstitution dieselbe war wie bei den vorigen, war die Spaltung doch eine ganz unabhängige, und stimmte die gefundene Reihe mit der korrigierten theoretischen so gut übereinstimmt, dass  $\chi^2$  nur 0.01 betrug (Tabelle 42).

Tabelle 41.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	MF <sub>3</sub>	Mf <sub>3</sub>	mF <sub>3</sub>	mf <sub>3</sub>	Summe
$MmF_1F_1F_2F_2F_3f_3$	4	72	19	10	11	112
♦	11	50	13	7	6	76
♦	12	69.5	17.5	11.5	8.5	107
♦	17	40.5	18.5	16	6	81
♦	19	44.5	12.5	14.5	8.5	80
♦	33	51	18	21	6	96
$MmF_1F_1f_2f_2F_3f_3$	66	59.5	12.5	18.5	11.5	102
♦	70	53.5	13.5	11	7	85
gefunden		440.5	124.5	109.5	64.5	739
erwartet (korrigiert)		420.50	144.50	129.50	44.50	
erwartet ( $r:s = 1.5:1$ )		436.01	118.24	118.24	66.51	

Bei  $r:s = 1:1$   $\chi^2 = 15.80$ ; bei  $r:s = 1.5:1$   $\chi^2 = 1.08$

Tabelle 42.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	MF <sub>3</sub>	Mf <sub>3</sub>	mF <sub>3</sub>	mf <sub>3</sub>	Summe
$MmF_1F_1F_2F_2F_3f_3$	2	42	9	8.5	3.5	63
♦	3	52	11	14	4	81
♦	10	34	10	4.5	1.5	50
$MmF_1F_1f_2f_2F_3f_3$	47	40.5	17.5	15.5	2.5	78
gefunden		168.5	47.5	42.5	11.5	270
erwartet (korrigiert)		168.80	47.20	42.20	11.80	

$\chi^2 = 0.01$

In diesem Zusammenhang ist zu bemerken, dass bei der Zygote  $MmF_1F_1F_2f_2F_3f_3$  eine unabhängige Spaltung gefunden worden ist, was zunächst unerwartet scheint (Tabelle 43). Aber der Grund dafür liegt, wie im Abschnitte IV u. V, 6-7 auseinandergesetzt wurde, darin, dass die Wirkung von  $F_3$  bzw.  $f_3$  wegen der Spaltung nach dem dihybriden Schema durch die des  $F_2$  bzw.  $f_2$  verdeckt wurde, indem die Zygoten  $F_1F_1f_2f_2F_3F_3$ ,  $F_1F_1f_2f_2F_3f_3$  und  $F_1F_1f_2f_2f_3f_3$  trotz der Spaltung von  $F_3$  bzw.  $f_3$  gleichwohl in die spätere, und die  $F_1F_1F_2F_2F_3F_3$ ,  $F_1F_1F_2F_2F_3f_3$  und  $F_1F_1F_2F_2f_3f_3$  in die frühere, und die  $F_1F_1F_2f_2F_3F_3$ ,  $F_1F_1F_2f_2F_3f_3$  und  $F_1F_1F_2f_2f_3f_3$  in die mittlere eingeteilt werden, weil die Wirkung von  $F_2$  viel grösser als die von  $F_3$  ist. Infolgedessen erscheint, und zwar durch diese künstlichen Einteilungsweise, die Beziehung zwischen  $M$  und  $F_2$  an Stelle derjenigen der  $M$  und  $F_3$  in den Vordergrund gerückt.

Für die Annahme der Koppelung zwischen den  $M$  und  $F_3$  spricht auch die Tatsache, dass bei den Zygoten, die in bezug auf die Gene für die Ausschusszeit homozygotisch sind, trotz derselben künstlichen Einteilung der Ausschusszeiten gar keine Koppelung wahrnehmbar war (Tabelle 44). Die korrigierte theoretische Zahlenreihe stimmt ganz gut mit der gefundenen überein, da  $\chi^2$  bloss 1.90 beträgt.

Tabelle 43.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	M		m		Summe
		früh	spät	früh	spät	
$MmF_1F_1F_2f_2F_3f_3$	9	38	11	16	7	72
•	13	40	14	14	1	69
•	20	51.5	13.5	14	6	85
•	25	54.5	7.5	19	9	90
•	37	54	16	14.5	5.5	90
•	38	55	8	12	4	79
•	43	44	13	14.5	3.5	75
•	44	56	15	18.5	5.5	95
•	46	36.5	13.5	19.5	3.5	73
•	55	60.5	10.5	13	2	86
•	57	42	12	16.5	1.5	72
•	68	72.5	19.5	14	9	115
gefunden		604.5	153.5	185.5	57.5	1001
erwartet (korrigiert)		598.22	159.78	191.78	51.22	

$$\chi^2 = 1.29$$



Tabelle 44.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	M		m		Summe
		früh	spät	früh	spät	
<i>MmF<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>2</sub>F<sub>2</sub>F<sub>3</sub>F<sub>3</sub></i>	8	32	8	6.5	3.5	50
<i>MmF<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>2</sub>F<sub>2</sub>f<sub>3</sub>f<sub>3</sub></i>	1	23.5	9.5	8	1	42
♦	42	43	14	9.5	3.5	70
♦	59	57	14	9	6	86
<i>MmF<sub>1</sub>F<sub>1</sub>f<sub>2</sub>f<sub>2</sub>F<sub>3</sub>F<sub>3</sub></i>	60	62.5	22.5	21	8	114
♦	69	32.5	2.5	11	4	50
gefunden		250.5	58	77.5	26	412
erwartet (korrigiert)		245.60	62.90	82.40	21.10	

$$\chi^2 = 1.90$$

18. P<sub>1</sub>—D.

Was die Beziehung zwischen den Genen *P<sub>1</sub>* und *D* anbetrifft, so steht nur eine Linie (Nr. 34) aus der Zygote *P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBBDd* zur Verfügung (s. Tabelle 45). Die Spaltung zeigt eine Abweichung von der nach dem normalen Schema, daran hat aber hauptsächlich die geringere Repräsentation von *dd*-Individuen Schuld. Wenn man deshalb weiter von den Ergebnissen aus Di- und Trihybriden in bezug auf die Blattfarbe die Zahlenreihe der genannten Beziehung herauszieht, indem man dabei bloss auf die Individuen mit den purpurn gefärbten Spelzen Rücksicht nimmt, so bekommt man die Zahlenreihe, die in Tabelle 45 zusammen mit der der Linie 34 angegeben ist. Es geht daraus klar hervor, dass wir es hier mit einer unabhängigen Spaltung zu tun haben.

Tabelle 45.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	P <sub>1</sub> D	P <sub>1</sub> d	p <sub>1</sub> D	p <sub>1</sub> d	Summe
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBBDd</i>	34	66	17	24	2	109
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SsBBDd</i>	2	29	9	10	2	50
♦	23	36	13	10	4	63
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SSBbDd</i>	38	50	12	16	9	87
♦	60	49	13	23	4	89
♦	67	29	11	11	4	55
♦	89	44	22	18	4	88
♦	25	30	7	14	1	52
♦	36	31	6	14	6	57
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>SsBbDd</i>	39	35	12	10	2	59
♦	48	37	9	12	2	60
♦	68	39	12	9	3	63
gefunden		475	143	171	43	832
erwartet (9:3:3:1)		468.00	156.00	156.00	52.00	
<i>D   m</i>		+ 0.49	- 1.16	+ 1.33	- 1.29	

19.  $P_1—F_2$ .

In  $F_2$ -Generation ist die folgende Spaltungsreihe gefunden worden, die uns zum Schluss zur Annahme unabhängiger Spaltung zwingt.

Tabelle 46.

Nr. der Linie	$P_1F_2$	$P_1f_2$	$p_1F_2$	$p_1f_2$	Summe
V	54	20	23	5	102
VI	55	16	23	9	103
gefunden	109	36	46	14	205
erwartet (9:3:3:1)	115.31	38.44	38.44	12.81	
$D/m$	- 0.89	- 0.44	+ 1.35	+ 0.34	

Die einzige Zahlenreihe aus  $F_3$ -Generation, die bei der Zygote  $P_1p_1SSBBF_1F_1F_2f_2f_3f_3$  (Linie Nr. 34) gefunden wurde, ergab zu diesen Schluss eine weitere Stütze. Wenn aber ihre Gesamtzahl zu klein für diese Beurteilung betrachtet werden sollte, so kann die Spaltungsreihe bei den Nachkommenschaften der in bezug auf die Blattfarbe di- und trihybriden  $F_2$ -Pflanzen mitberechnet werden, indem man dabei nur die gefärbten in Betracht zieht. Die Ergebnisse wurden in Tabelle 47 zusammengestellt. Die Übereinstimmung der gefundenen mit der theoretischen ist ganz ausgezeichnet.

Bei den Zygoten mit dihybrider Konstitution in bezug auf die Ausschusszeiten ist das Spaltungsverhältnis ebenfalls ähnlich wie bei der vorhergehenden Untersuchung ausgefallen (Tabelle 48), und zwar aus demselben Grunde, wie im vorigen Abschnitte dargetan wurde.

Tabelle 47.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	$P_1F_2$	$P_1f_2$	$p_1F_2$	$p_1f_2$	Summe
$P_1p_1F_1F_1F_2f_2F_3F_3$	23	32.5	16.5	10.5	3.5	63
♦	39	36.5	10.5	10.5	1.5	59
♦	74	28.5	4.5	7	5	45
♦	83	19.5	8.5	10	2	40
$P_1p_1F_1F_1F_2f_2f_3f_3$	34	64.5	18.5	20	6	109
♦	24	30	16	17	2	65
♦	36	25.5	11.5	15.5	3.5	56
♦	67	26.5	13.5	10.5	4.5	55
gefunden		263.5	99.5	101	28	492
erwartet (9:3:3:1)		276.75	92.25	92.25	30.75	

$$\chi^2 = 2.28$$

Tabelle 48.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	P <sub>1</sub> F <sub>2</sub>	P <sub>1</sub> f <sub>2</sub>	p <sub>1</sub> F <sub>2</sub>	p <sub>1</sub> f <sub>2</sub>	Summe
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>2</sub>f<sub>2</sub>F<sub>3</sub>f<sub>3</sub></i>	9	23	5	13	5	46
♦	25	24.5	12.5	12	3	52
♦	37	27	12	15	2	56
♦	38	40	22	23	2	87
♦	68	39	13	10	2	64
gefunden		153.5	64.5	73	14	305
erwartet (korrigiert)		161.89	56.11	64.61	22.39	

$$\chi^2 = 5.92$$

20. P<sub>1</sub>—F<sub>3</sub>.

Die Ergebnisse aus den Zygoten *P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>2</sub>F<sub>2</sub>F<sub>3</sub>f<sub>3</sub>* und *P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>1</sub>f<sub>2</sub>f<sub>2</sub>F<sub>3</sub>f<sub>3</sub>* sind in Tabelle 49 angegeben. Wegen der Störung im Spaltungsverhältnis der einzelnen Merkmale ist die Übereinstimmung der gefundenen Zahlenreihe mit der idealen sehr schlecht. Die gefundene stimmt auch mit der korrigierten theoretischen schlecht überein, indem  $\chi^2$  23.53 beträgt. Es erhebt sich demnach die Frage nach der Koppelung zwischen den betreffenden Genen. Wenn man es bei dieser Zahlenreihe mit jeweiliger Koppelung zu tun hat, so wird dabei wohl das Gametenverhältnis 1 : 2 : 2 : 1 am nächsten liegen. Die Übereinstimmung ist aber auch dann nicht so gut und  $\chi^2$  beträgt 8.39. Um über diese Frage eine Entscheidung zu geben dazu reicht das vorliegende Material aber nicht aus. Doch bin ich augenblicklich zur Ansicht geneigt, dass in der vorliegenden Reihe eine unabhängige Vererbung vorliegt.

Tabelle 49.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	P <sub>1</sub> F <sub>3</sub>	P <sub>1</sub> f <sub>3</sub>	p <sub>1</sub> F <sub>3</sub>	p <sub>1</sub> f <sub>3</sub>	Summe
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>2</sub>F<sub>2</sub>F<sub>3</sub>f<sub>3</sub></i>	2	27.5	10.5	11	1	50
♦	11	29	17	16	2	64
♦	19	22	14	10	1	47
♦	33	38.5	19.5	18	—	76
<i>P<sub>1</sub>p<sub>1</sub>F<sub>1</sub>F<sub>1</sub>f<sub>2</sub>f<sub>2</sub>F<sub>3</sub>f<sub>3</sub></i>	63	23	25	18	4	70
♦	88	27	15	10	2	54
gefunden		187	101	83	10	361
erwartet (korrigiert)		185.60	82.40	64.40	28.60	
erwartet ( <i>r:s = 1:2</i> )		190.53	80.22	80.22	10.03	

$$\text{Bei } r:s = 1:1 \quad \chi^2 = 23.53; \text{ bei } r:s = 1:2 \quad \chi^2 = 8.39$$

Bei den Zygoten, bei denen die Gene für die Ausschusszeiten je homozygotisch vorhanden sind, stimmt die Spaltungsreihe, nach der absichtlichen Einteilung der Ausschusszeiten in die betreffenden Gruppen, mit der idealen etwas schlecht, hingegen gut mit der korrigierten theoretischen überein, wie auch zu erwarten war (Tabelle 50). Dort  $\chi^2$  beträgt 3.80, was für die Zufälligkeit der Abweichung spricht.

Tabelle 50.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	P <sub>1</sub>		p <sub>1</sub>		Summe
		früh	spät	früh	spät	
$P_1p_1F_1F_1F_2F_2F_3F_3$	8	10.5	5.5	9	2	27
$P_1p_1F_1F_1F_2F_2f_3f_3$	59	20	13	8	4	45
$P_1p_1F_1F_1f_2f_2F_3F_3$	48	31	15	7.5	6.5	60
♦	60	43.5	18.5	21	6	89
♦	89	40.5	25.5	20.5	1.5	88
gefunden		145.5	77.5	66	20	309
erwartet (korrigiert)		152.64	70.36	58.86	27.14	

$$\chi^2 = 3.80$$

21. D—F<sub>2</sub>.

In F<sub>2</sub>-Generation ist das folgende Spaltungsverhältnis gefunden worden, das für die Unabhängigkeit der betreffenden Gene in der Spaltung spricht.

Tabelle 51.

Nr. der Linie	DF <sub>2</sub>	Df <sub>2</sub>	dF <sub>2</sub>	df <sub>2</sub>	Summe
V	113	30	40	18	201
VI	112	40	30	16	198
gefunden	225	70	70	34	399
erwartet (9:3:3:1)	224.44	74.81	74.81	24.94	
D/m	+ 0.06	— 0.62	— 0.62	+ 1.89	

In F<sub>3</sub>-Generation wurde bei den Nachkommenschaften der Zygoten  $DdF_1F_1F_2f_2F_3F_3$  und  $DdF_1F_1F_2f_2f_3f_3$  die folgende Zahlenreihe gefunden (Tabelle 52). Wenn man noch weiter die Ergebnisse aus der Zygote  $DdF_1F_1F_2f_2F_3f_3$  berücksichtigen will, so liegen die in Tabelle 53 angegebenen Spaltungsreihen zur Hand. Bei diesen beiden Fällen ist die Übereinstimmung der gefundenen mit der idealen

Reihe etwas schlecht, und das  $df_2$ -Glieb ist dort zu wenig repräsentiert. Jedoch lässt sich dafür die oben verschiedentlich beigebrachte Erklärung hier wieder anwenden. So unterliegt es dann keinem Zweifel, dass hier eine Unabhängigkeit des Gens  $D$  von  $F_2$  in der Spaltung vorliegt.

Tabelle 52.

Genotyp Konstitution	Nr. der Linie	$DF_2$	$Df_2$	$dF_2$	$df_2$	Summe
$DdF_1F_1F_2f_2F_3F_3$	23	52.5	24.5	22	2	101
♦	35	40.5	22.5	10	3	76
♦	39	52.5	18	20.5	1	92
$DdF_1F_1F_2f_2f_3f_3$	34	67	23	17.5	1.5	109
♦	36	59.5	21.5	21	9	111
♦	45	64	21	16	6	107
♦	67	41	16	14	7	78
gefunden		377.0	149.0	118.5	29.5	674
erwartet (korrigiert)		386.70	139.30	108.80	39.20	

$$\chi^2 = 4.18$$

Tabelle 53.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	$DF_2$	$Df_2$	$dF_2$	$df_2$	Summe
$DdF_1F_1F_2f_2F_3f_3$	13	41	14	13	5	73
♦	20	52	20	19	2	93
♦	25	62	22	19	4	107
♦	38	54	24	25.5	0.5	104
♦	46	62.5	18.5	14.5	5.5	101
♦	68	66	28	26	2	122
gefunden		337.5	126.5	117	19	600
erwartet (korrigiert)		351.48	112.52	103.02	32.98	

$$\chi^2 = 11.06$$

## 22. D—F<sub>3</sub>.

Hierzu gehörige Ergebnisse sind in Tabelle 54 angegeben. Die Übereinstimmung der Spaltungsreihe mit der idealen ist nicht gut. Die Korrektion für die Abweichung in den Einzelmerkmalen hilft auch wenig, da  $\chi^2$  dort eben 12.90 beträgt. Es ergeben sich nach EMERSONSCHE Formel Austauschwert zu 37.6%.

Doch auch bei den Nachkommenschaften der Zygote  $DdF_1F_1f_2f_2F_3F_3$ , wo keine Spaltung der Ausschusszeiten erwartet werden sollte, ist ein ähnlicher Austauschwert errechnet worden (34.8%), für den Fall, dass man die Ausschusszeiten bei ihnen in die betreffenden Gruppen einteilt (Tabelle 55). Überdies ist die Störung durch die abweichende Repräsentation der einzelnen Glieder in der Spaltungsreihe dort ebenso augenfällig, dass selbst die korrigierte theoretische Reihe für die unabhängige Spaltung mit der gefundenen schlecht übereinstimmt.  $\chi^2$  beträgt 7.47. Obwohl der Wert bei der letzteren beinahe halb so gross ist wie bei der ersteren, können diese Abweichungen zufällig sein, und es scheint mir sehr wahrscheinlich, dass hier eine unabhängige Vererbung vorliegt.

Tabelle 54.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	DF <sub>3</sub>	Df <sub>3</sub>	dF <sub>3</sub>	df <sub>3</sub>	Summe
$DdF_1F_1F_2F_2F_3f_3$	2	37.5	10.5	11	2	61
♦	3	42	15	20	—	77
♦	4	57.5	22.5	24.5	7.5	112
♦	12	62.5	18.5	19.5	6.5	107
$DdF_1F_1f_2f_2F_3f_3$	47	48	38	23.5	2.5	112
♦	66	56	19	21	—	96
gefunden		303.5	123.5	119.5	18.5	565
erwartet (korrigiert)		319.68	107.32	103.32	34.68	

$$\chi^2 = 12.90$$

Tabelle 55.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	D		d		Summe
		früh	spät	früh	spät	
$DdF_1F_1f_2f_2F_3F_3$	60	64.5	30.5	19	1	115
♦	70	46	17	24	4	91
gefunden		110.5	47.5	43	5	206
erwartet (korrigiert)		117.73	40.27	35.77	12.23	

$$\chi^2 = 7.47$$

## VI. Zusammenfassung.

1. In diesem Aufsatz sind die Ergebnisse aus der Kreuzung „Murasaki-Waitô“  $\times$  „Omati“ mitgeteilt worden. Die erst genannte Sorte gehört zu einer Zwergreissorte, die an ihren Blättern, Spelzen, Narben und anderen Pflanzenteilen dunkel purpurn gefärbt und grannenlos ist. Die andere wird dagegen noch länger als die gewöhnlichen Reispflanzen und ist nicht besonders gefärbt (d. h. grün) und nicht begrannt.

2. Die Farbstoffbildung an den Blättern ist durch die Mitwirkung von drei Genen ermöglicht. Das eigentliche Gen für die Blattfarbe,  $P_1$ , bleibt ohne Mitwirkung von  $S$  und  $B$  wirkungslos. Die Beteiligung von  $S$  und  $B$  wird an den gefärbten Spitzen der Spelze erkannt, weil diese bei Anwesenheit von  $S$  allein sich rötlich färben.  $B$  modifiziert die rötliche Farbe in schwarzviolett oder dunkelpurpurn.

3. Bei dem in diesem Aufsatz behandelten Falle ist für die Farbe der Spelzenspitzen noch ein Gen  $S_o$  beteiligt, welches die durch  $S$  bedingte rötliche Farbe in Orangerot modifiziert. Die Wirkung des  $S_o$  auf  $S$  tritt aber bei gleichzeitigem Vorhandensein von  $B$  gar nicht oder wenigstens nicht stark auf.  $S_o$  steht mit  $B$  entweder in einer physiologischen oder in einer genetischen innigen Beziehung.

4. Die Narbenfarbe ist durch das  $S$  und  $B$  bedingt. Nach der gefundenen Spaltungsreihe scheint aber äusserlich noch ein Gen  $P_s$  sich daran zu beteiligen. Die Analyse dieser Beziehung hat trotzdem ergeben, dass diese Abweichung vielmehr durch die Schwierigkeit der Beurteilung der Narbenfarbe verursacht sein kann, da die Wirkung des  $P_s$  bei der gleichzeitigen Gegenwart von  $P_1p_1$  bzw.  $p_1p_1$  bedeutend geschwächt wird. Das angebliche Gen  $P_s$  kann in Wirklichkeit mit dem  $S$  identisch sein.

5. Für die Wuchsform beteiligt sich das Gen  $D$  bzw.  $d$ . Die Zwergform verhält sich einfach rezessiv zur langen oder normalen Form.

6.  $D$  bzw.  $d$  wirkt ausser auf das Wachstum der ganzen Pflanzen ebenso auf das der einzelnen Pflanzenteile in gleichem Sinne, sodass die Granne, die Spelze, das Blatt usw. bei der Zygote  $dd$  gleichwohl kürzer werden als bei der  $DD$  oder  $Dd$ .

7. An den Ausschusszeiten der betreffenden Sorten sind die Gene  $F_2$  und  $F_3$  beteiligt. Beide leiden in ihrer Wirkung von den Jahresschwankungen bzw. von der Veränderung der Kulturbedingungen. Die Wirkung des Gens  $F_2$  auf die Ausschusszeiten ist dreimal so gross wie die des  $F_3$ .

8. Die Spaltung des Gens  $F_2$  bzw.  $f_2$  ist an den Ergebnissen aus der zweiten und dritten Bastardgenerationen zahlenmässig geprüft worden. Wegen des kleineren Unterschieds ist die Beteiligung des Gens  $F_3$  erst an den Ergebnissen aus der dritten Bastardgeneration in Norjapan beurteilt worden.

9. Zwischen den individuellen und den durchschnittlichen Ausschusszeiten der  $F_2$ -Pflanzen, deren letztere aus den Ergebnissen in der nächsten Generation errechnet wurden, findet sich eine starke Korrelation.  $r$  beträgt  $+0.823, \pm 0.038$ .



10. Die Gene  $S$ ,  $B$ ,  $P_1$ ,  $D$  und  $F_2$  spalten sich ganz unabhängig von einander.

11. Ausser der bekannten Koppelung zwischen  $S-M$ ,  $M-F_1$  und  $S-F_1$  findet sich zwischen  $S$  und  $F_3$  eine Koppelung mit einem Austauschwert von 30.7%.  $F_3$  steht ebenso mit  $M$  in einer Koppelung mit einem Austauschwert von 40% bei dem einen Fall, während sie sich beim anderen ganz unabhängig von einander verhalten. Daraus folgt, dass  $F_3$  in bezug auf den Sitz von  $S$  an der Gegenseite zu  $M$  sich befinden muss.

12. Zwischen den  $S-P_1$  sowohl als auch den  $B-P_1$  scheint äusserlich je eine Koppelung statt zu haben. Es ergab sich, dass der Austauschwert von 2.2–35.9% bzw. von 2.2–42.3% variiert. Diese Variation beruht auf der störenden Wirkung des Gens  $p_1$  auf die Narbenfarbe (vergl. d. Satz 4). Es ist höchst wahrscheinlich, dass man es bei beiden Fällen mit keiner Koppelung zu tun hat, weil  $P_1$  mit  $S$  identisch sein kann.

13. Zwischen den  $B$  und  $F_3$  ist eine Koppelung mit einem Austauschwert von etwa 33% wahrscheinlich. Diese kann aber auch durch die Unsicherheit der Beurteilung der Beteiligung von  $F_3$  bzw.  $f_3$  verursacht worden sein, weil bei der Homozygote in bezug auf  $F_3$  ein ähnliches Verhältnis vorlag.

14. Die etwaige Koppelung zwischen den  $P_1$  und  $F_3$ , bei der sich ein Austausch von etwa 33% vorfindet, ist noch nie als sichergestellt angesehen worden. Es kann eben eine unabhängige Spaltung dabei vorliegen.

An dieser Stelle spreche ich der „SAITÔ Gratitude Foundation“ meinen herzlichen Dank dafür aus, dass sie die Fortsetzung dieser Untersuchung durch ihre finanzielle Unterstützung ermöglicht hat.

Pflanzenphysiol. Laboratorium,  
Biologisches Institut,  
Kaiserl. Tōhoku Universität,  
SENDAI.

### Literaturverzeichnis.

- AKEMINE, M., 1925: On the Inheritance of Dwarf-habitus in Rice. (Japanese). Report Jap. Assoc. Adv. Sci., Vol. 1: 308–314.
- CHAO, L. F., 1928: Linkage Studies in Rice. Genetics, Vol. 13: 133–169.
- NAGAI, I., 1926: Studies on the Mutations in *Oryza sativa* L., I–II. Jap. Journ. Bot., Vol. 3: 25–66.
- PARNELL, F. R., G. N. RANGASWAMI AYYANGAR, K. RAMIAH & C. R. SRINIVASA AYYANGAR, 1922: The Inheritance of Characters in Rice. II. Mem. Dept. Agr. India, Bot. Ser., Vol. 11: 185–208.

- SUGIMOTO, S., 1923: Some Examples of the Production of Anomalous Races in Rice. (Japanese). Jap. Journ. Genetics, Vol. 2: 71—75.
- TAKEZAKI, Y., 1923: Inheritance of Leaf Colour in Purple Rice. (Japanese). Jap. Journ. Genetics, Vol. 1: 37—43.
- , 1923: ——— II. (Japanese). Ibid., Vol. 2: 95—101.
- YAMAGUTI, Y., 1919: Über die Beziehung der Aufblühzeit und des Sitzes der Blüte am Rispenaste zum Korngewichte des Reises. Ber. Ôhara Inst. f. Landw. Forsch., Bd 1: 451—517.
- , 1926: Kreuzungsuntersuchungen an Reispflanzen. I. Genetische Analyse der Granne, der Spelzenfarbe und der Endospermeigenschaft bei einigen Sorten des Reises. Ibid., Bd. 3: 1—126.
- , 1926': Rassenmerkmale der Reispflanze, vom Gesichtspunkte der Genetik betrachtet. (Japanisch). Nôgaku-Kenkyû (Agr. Res.), Bd. 9: 1—28.
- , 1927: Kreuzungsuntersuchungen an Reispflanzen. II. Über die zweite (S-M-) Kopplungsgruppe mit besonderer Berücksichtigung ihrer korrelativen Beziehung zur Blütezeit. (Vorläufige Mitteilung). Ber. Ôhara Inst. f. Landw. Forsch., Bd. 3: 319—330.
-

## Tabelle I.

Tabelle I.

[illegible]

$F_2 F_2 f_3$	12	1 2 6 11 22 21 16 8 19 . 1 . 1	108	17.74
	33	3 4 35 8 19 5 15 3 1 2 . 1	96	18.11
	14	2 7 8 29 20 8 10 1 . . . 1 . . 1	87	18.22
	27	2 7 7 2 6 3 6 8 21 10 5 . 1 4 5 4 4 . . . 1	96	18.25
	11	2 10 11 11 15 8 10 4 1 1 2 1	76	18.46
	2	1 10 10 9 9 13 13 3 . . 2 . . 1	71	18.58
	10	3 12 7 5 5 11 3 1 1 . 1	49	18.74
	3	1 1 1 10 14 11 13 7 16 1 3 1 2	81	19.33
	28	4 5 1 12 4 3 7 17 8 7 1 4 6 6 5 8 1 . . 5	104	19.83
Summe	2 11 14 20 86 110 252 201 207 113 120 35 10 18 19 15 13 2 . 1 6	1255	17.99	
$F_2 F_2 f_3$	59	5 2 6 31 7 9 12 2 7 3 2 1 2 1	90	19.13
	84	1 4 15 40 22 29 19 12 4 6 4 . 1 1 . . 2	160	19.30
	42	1 5 4 19 13 8 7 3 2 7 2	71	20.06
	1	3 8 4 6 5 3 7 4 2 . . . . 1	43	20.40
	Summe	6 7 29 83 52 57 44 24 21 15 15 3 3 2 . 1 2	364	19.54
Gesamnte	3 24 40 58 224 224 418 358 304 185 172 61 31 33 34 18 16 4 . 2 8	2217	17.65	

### Tabelle II.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	Ausschusszeit :																																								Summe	Durchschnittl. Ausschusszeit
		10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40											
$F_2 f_2 F_3 F_3$	22				2	2	4	6	8	6	8	14	10	9	2	5	6	7	4	3	5	2	1	.	1												105	20.95					
	30				1	2	2	6	13	.	2	2	3	15	6	8	3	12	6	4	3															88	21.51						
	39					6	4	5	6	8	9	7	2	12	9	5	1	9	.	2	4	2	1													92	21.54						
	51					5	9	8	8	1	5	5	2	16	6	9	8	6	4	2	3	1	.	1												99	21.70						
	35	1	.	.	.	9	4	1	7	2	3	6	2	15	17	3	1	7	2	1	4	2	.	1												88	21.81						
	74					2	5	4	2	4	.	2	8	10	2	3	7	4	6	2	4	4	1	1												71	22.24						
	32					3	7	2	8	6	3	2	6	4	3	5	7	2	4	9	5	7	2	.	1											86	22.29						
	23						2	6	8	7	7	3	5	13	4	6	3	9	7	.	2	5	9	.	1												97	22.44					
	83				1	1	.	2	.	5	3	2	5	4	5	7	4	8	2	2	3	4															58	22.72					
	21						3	6	8	5	5	.	2	9	3	7	6	8	5	2	2	10	5														86	22.76					
	Summe	1	.	4	10	43	49	61	54	39	42	57	70	68	73	53	60	56	28	29	43	23	2	5												870	21.95						
	54				1	.	6	4	10	12	2	8	5	5	12	11	8	7	4	5	6	6	6	2	1	1	.	1								123	22.61						
	29			2	1	2	7	1	7	7	3	3	9	2	11	8	3	8	11	.	5	6	3	4	1	3										107	22.74						
	13				1	1	1	6	2	4	1	3	14	5	1	1	6	4	6	3	1	5	2	.	3	.	.	2									72	27.91					
	41						5	3	9	1	5	5	5	3	18	5	12	8	11	1	2	2	5	2	3	1										106	23.05						
	43						3	8	4	6	5	3	.	2	2	7	7	5	6	6	6	9	.	1	.	.	2										82	23.19					
	49						1	4	9	10	9	1	5	2	8	18	6	5	5	2	2	7	13	1	1	1										110	23.21						
	50						2	5	6	7	7	2	4	4	9	7	8	13	3	3	3	6	11	2	1											103	23.44						

$F_2 f_2 F_3 f_3$	46	1	.	2	1	3	14	6	5	3	2	5	7	12	4	10	10	3	8	3	.	1	1	1		102	23.46					
	37			6	3	5	6	.	4	4	5	7	9	7	3	7	.	5	4	9	4	1	1		90	23.53						
	9	1	.	2	3	4	1	4	2	.	3	7	1	7	4	6	4	3	2	3	8	2	3	.	1	.	1	72	23.98			
	57			1	1	.	4	5	1	4	3	10	4	6	5	9	6	6	7	3	4	1	1	1		82	24.01					
	20				1	4	3	5	4	2	8	9	2	7	7	12	3	7	1	2	11	.	1	.	1	2	1	93	24.09			
	68				3	4	5	6	5	7	2	.	12	8	12	8	14	6	8	9	4	3	3	3		122	24.28					
	40	1	.	.	1	3	11	4	1	1	3	4	8	10	12	5	5	9	6	13	5	1	2	3		108	24.35					
	25				1	8	2	1	10	3	3	5	4	3	9	17	12	3	2	7	7	.	4	5		106	24.44					
	55				1	3	5	2	5	1	3	9	8	5	10	6	11	3	6	3	7	1	.	3	3		95	24.45				
	38				1	2	6	6	3	3	5	2	11	12	4	2	11	1	3	5	5	5	9	8		104	25.09					
44				3	1	9	3	3	2	3	.	7	6	8	8	9	4	5	6	10	6	3	5	.	.	1	102	25.27				
Summe		4	4	6	48	64	101	103	72	57	82	76	130	137	140	130	138	72	73	104	113	35	38	36	8	5	3	1779	23.79			
$F_2 f_2 f_3 f_3$	36				1	6	2	4	6	9	1	3	3	16	11	8	6	9	13	3	4	2	4			111	25.13					
	34			1	2	9	2	8	5	2	5	3	2	6	5	13	1	3	11	13	3	6	9			109	25.51					
	45			1	2	2	6	1	4	1	3	5	2	9	18	14	3	5	3	14	7	2	5			107	25.87					
	24			1	.	2	3	10	5	1	1	.	6	5	15	16	1	4	6	10	1	7	5	.	2	5	106	26.20				
	61				1	6	4	3	3	.	3	5	8	11	17	12	8	3	8	5	8	5				110	26.39					
	62				2	.	1	.	2	4	1	5	4	3	2	7	8	6	2	1	2	3				53	26.44					
	56				1	2	3	1	6	2	.	1	1	10	7	1	4	7	6	1	4	4	.	2	.	.	1	64	27.12			
	67			1	2	4	3	6	4	5	2	2	1	5	10	7	6	5	3	3	3	1	3	.	3		79	27.70				
Summe			3	6	25	25	34	30	28	21	17	26	50	78	87	38	47	54	59	25	34	36	3	4	8	.	1	739	25.97			
Gesamnte		1	4	8	16	94	119	187	182	145	129	167	167	215	236	243	268	281	138	149	201	195	62	77	73	11	9	11	.	1	3388	23.79

Tabelle III.

Genotyp. Konstitution	Nr. der Linie	Ausschusszeit :																																						Summe	Durchschnittl. Ausschusszeit
		10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40									
$f_2 f_2 F_3 F_3$	60										1	1	.	7	2	4	10	17	12	19	19	17	2	3												114	27.71				
	89													2	5	8	12	15	15	19	16	11	4	4	1	1										113	27.85				
	48													1	1	4	6	14	10	16	24	23	5	5	2											111	28.78				
	69														1	1	5	7	7	14	12	8	3	5	2	1										66	28.92				
	64														1	.	3	3	17	8	27	15	17	8	6	1	1	1	1							109	28.99				
	Summe											1	1	.	11	9	20	36	70	52	95	86	76	22	23	6	3	1	1							513	28.40				
$f_2 f_2 F_3 f_3$	52															2	2	1	8	18	28	12	6	18	3	1										99	29.90				
	88																4	6	1	7	13	17	2	10	2	8	1	4								75	30.70				
	66															1	3	8	3	13	10	18	18	8	4	10	3	4	2							105	30.89				
	65															3	1	6	1	6	4	9	20	13	6	11										80	31.02				
	63																2	1	3	8	18	24	25	13	7	10	4	6	1							122	31.46				
	47															1	2	5	3	5	2	8	26	8	23	5	8	4	10	.	1	1				112	31.52				
Summe															1	8	17	25	21	54	81	106	79	85	27	48	12	24	3	1	1				593	30.55					
$f_2 f_2 f_3 f_3$	70																		1	14	17	6	8	12	7	5	10	5	2	4					91	32.15					
	90															3	.	.	.	.	4	3	10	11	10	14	35	22	3	1					116	34.22					
	Summe															3	.	.	1	14	21	9	18	23	17	19	45	27	5	5					207	33.32					
Gesamnte											1	1	.	11	10	31	53	95	74	163	188	191	119	131	50	70	58	52	8	6	1				1313	30.33					



## TAFEL I.



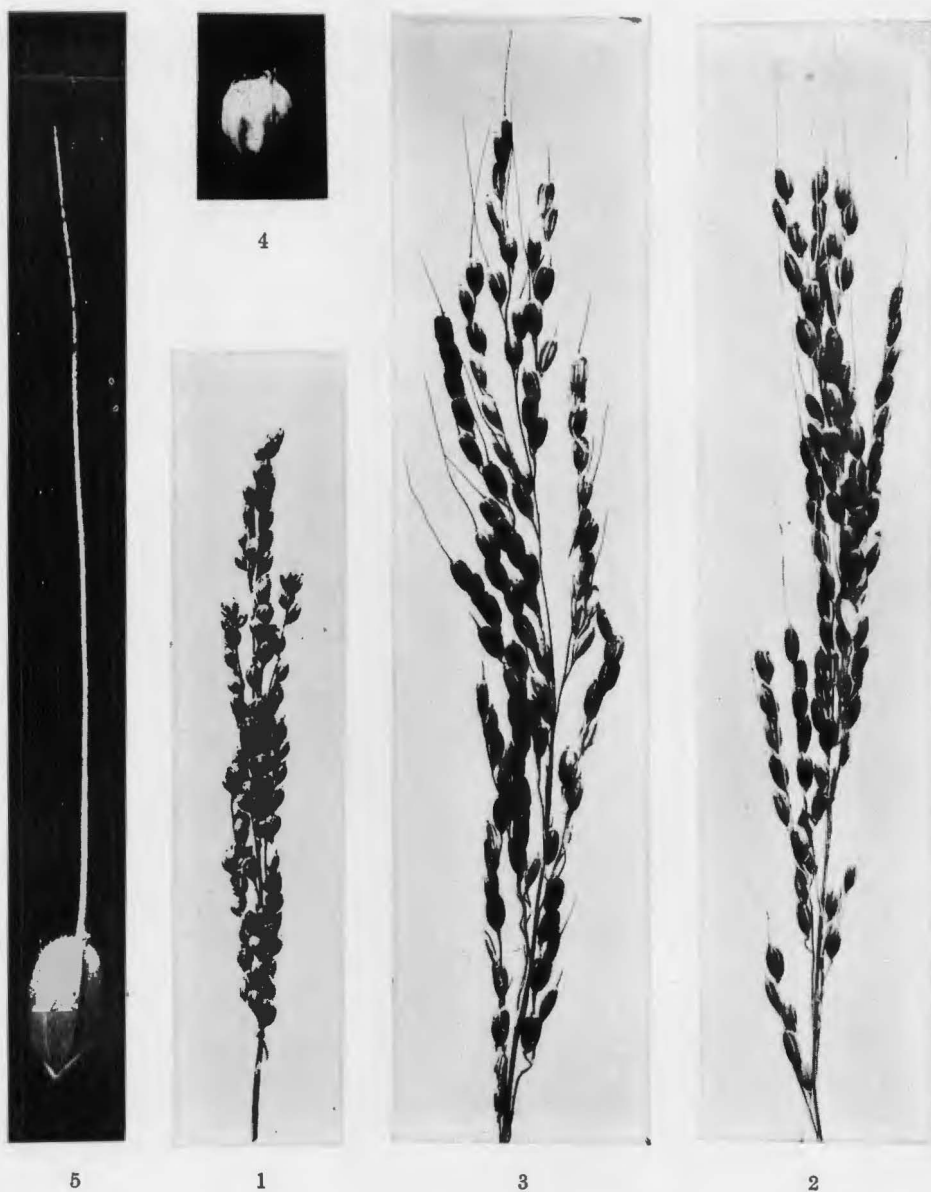
1

2

### Erklärung der Tafel

- Fig. 1. Eine Pflanze mit normaler Wuchsform, stammt von der Bastardpflanze in ihrer  $F_2$ -Generation. Sie entspricht in ihrer ganzen Pflanzenlänge der der Sorte „Omaki“, ist aber viel stärker bestockt als die letztere.
- Fig. 2. Eine Pflanze mit der Zwergwuchsform. Sie stammt von der Bastardpflanze in ihrer  $F_2$ -Generation und ist unter ganz gleichen Bedingungen wie die vorige aufgezogen. In jeder Beziehung entspricht sie der Sorte „Murasaki-Wuitō.“

## TAFEL II.



### Erklärung der Tafel

- Fig. 1. Rispe der Sorte „Murasaki-Waitô.“  $\times 7/10$ .  
 Fig. 2. Rispe der Sorte „Omati.“  $\times 7/10$ .  
 Fig. 3. Rispe der Bastarde zwischen den beiden oben genannten.  $\times 7/10$ .  
 Fig. 4. Korn der Sorte „Murasaki-Waitô.“  $\times 2.3$ .  
 Fig. 5. Korn der Sorte „Omati.“  $\times 2.3$ .